

18/5/8

DIALOG(R) File 351:Derwent WPI  
(c) 2001 Derwent Info Ltd. All rts. reserv.

009177505

WPI Acc No: 1992-304940/199237

XRAM Acc No: C92-135798

Synthetic gene for prepn. of human serum albumin - comprises synthetic DNA contg. gene coding the albumin using coding in Escherichia coli

Patent Assignee: AJINOMOTO KK (AJIN )

Number of Countries: 001 Number of Patents: 001

Patent Family:

Patent No	Kind	Date	Applicat No	Kind	Date	Week
JP 4211375	A	19920803	JP 9114600	A	19910205	199237 B

Priority Applications (No Type Date): JP 9025682 A 19900205

Patent Details:

Patent No	Kind	Lan	Pg	Main IPC	Filing Notes
JP 4211375	A	37		C12N-015/14	

Abstract (Basic): JP 4211375 A

A synthetic DNA contg. a gene coding human serum albumin (I) designed by frequently using codons used frequently in E coli, pref. having a specified restriction enzyme map, is new. A plasmid contg. the above synthetic DNA, a microbe transformed by the plasmid, and the prepn. of (I) in which the microbe is cultured in medium and (I) is isolated from the microbe body or the culture, are claimed.

USE/ADVANTAGE - (I) productivity in E coli is enhanced

Dwg.0/0

Title Terms: SYNTHETIC; GENE; PREPARATION; HUMAN; SERUM; ALBUMIN; COMPRISE; SYNTHETIC; DNA; CONTAIN; GENE; CODE; ALBUMIN; CODE; ESCHERICHIA; COLI

Derwent Class: B04; D16

International Patent Class (Main): C12N-015/14

International Patent Class (Additional): C12N-001/21; C12P-021/02; C12R-001-19; C12R-001-125; C12R-001-08

File Segment: CPI

47  
(19)日本国特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平4-211375

(43)公開日 平成4年(1992)8月3日

(51) Int.Cl. <sup>5</sup>	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C 12 N 15/14	Z NA	7236-4B		
1/21				
C 12 P 21/02	C 8214-4B			
// (C 12 N 1/21				
	8828-4B	C 12 N 15/00	A	
		審査請求 未請求 請求項の数9(全37頁) 最終頁に続く		

(21)出願番号 特願平3-14600

(22)出願日 平成3年(1991)2月5日

(31)優先権主張番号 特願平2-25682

(32)優先日 平2(1990)2月5日

(33)優先権主張国 日本 (JP)

(71)出願人 000000066

味の素株式会社

東京都中央区京橋1丁目15番1号

(72)発明者 橋口 賢一

神奈川県川崎市川崎区鈴木町1番1号味の  
素株式会社中央研究所内

(72)発明者 児島 宏之

神奈川県川崎市川崎区鈴木町1番1号味の  
素株式会社中央研究所内

(72)発明者 山田 和彦

神奈川県川崎市川崎区鈴木町1番1号味の  
素株式会社中央研究所内

(74)代理人 弁理士 湯浅 恒三 (外4名)

(54)【発明の名称】 合成遺伝子及びそれを用いたヒト血清アルブミンの製造法

(57)【要約】

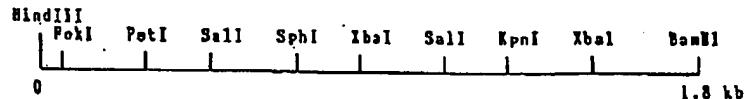
【構成】大腸菌で多用されるコドンを頻用して設計した、ヒト血清アルブミン蛋白をコードする遺伝子を含む合成DNAを構築する。この合成DNAをプラスミドに組み込み、微生物に導入して該微生物を形質転換する。最後に、この形質転換体を培地中で培養し、その菌体内または培地中からヒト血清アルブミンを単離する。

【効果】大腸菌等においてヒト血清アルブミン生産量を飛躍的に増加させることができる。

## 【特許請求の範囲】

【請求項1】 大腸菌で多用されるコドンを頻用して設計した、ヒト血清アルブミン蛋白をコードする遺伝子を含む合成DNA。

【請求項2】 合成DNAがヒト血清アルブミン蛋白の\*



【請求項4】 合成DNAが配列表の配列番号1で示される配列を有するものである請求項1記載の合成DNA。

【請求項5】 合成DNAが配列表の配列番号2で示される配列を有するものである請求項1記載の合成DNA。

【請求項6】 請求項1ないし5記載の合成DNAを含有するプラスミド。

【請求項7】 請求項6記載のプラスミドで形質転換された微生物。

【請求項8】 微生物がエシェリシア・コリ (E. coli)、バチルス・サチルス (B. subtilis) またはバチルス・ブレビス (B. brevis) である請求項7記載の微生物。

【請求項9】 請求項7または8記載の微生物を培地中で培養し、その微生物菌体または培地中からヒト血清アルブミンを単離することを特徴とするヒト血清アルブミンの製造法。

## 【発明の詳細な説明】

## 【0001】

【産業上の利用分野】 本発明はヒト血清アルブミン (HSA) をコードする遺伝子を含む合成DNA、合成DNAを有するプラスミド、該プラスミドにより形質転換された微生物及び該微生物を培養してヒト血清アルブミンを製造する方法に関する。

## 【0002】

【従来の技術】 組換えDNA技術の進歩によって、大腸菌等の微生物において高等真核生物由来の遺伝子を発現させ、その目的遺伝子産物を微生物を培養することによって取得する技術が発展してきた。一般に高等真核生物の遺伝子は、mRNAを調製して、逆転写酵素によって作製したcDNAからクローニングすることによって得られている。ヒト血清アルブミンについても、例えば特開昭58-56684等にcDNAの調製法が開示されている。

【0003】 蛋白質をコードする遺伝子はその蛋白質のアミノ酸配列を1アミノ酸につきDNAの3塩基からなる遺伝暗号 (コドン) によってコードしているが、あるアミノ酸に対応する遺伝暗号は必ずしも1つではない。そして、大量に発現している遺伝子では生物種によって使用されている遺伝暗号に偏りがみられることが知られ

\* N末端付近をコードする領域に単一の制限酵素切断部位を保持することを特徴とする請求項1記載の合成DNA。

【請求項3】 合成DNAが下記に示す制限酵素地図を有するものである請求項1記載の合成DNA。

10 ている。

【0004】 従って、前記の方法で調製されたcDNAからなる遺伝子は高等真核生物において多用される遺伝暗号からなる遺伝子であり、必ずしも大腸菌等の原核生物である微生物における発現に好適なものではない。

【0005】 また、遺伝子を発現させるには適当な発現制御系に接続する必要があり、より好適な発現制御系に接続することによって同じ遺伝子の発現効率を飛躍的に高めることが出来ることが知られている。遺伝子をより好適な発現制御系に接続するためには、遺伝子中に存在する制限酵素部位等が適切に配置されていることが操作上望ましく、特にコードする蛋白質のN末端付近の領域に単一の制限酵素部位が存在することが望ましい。しかしながら、cDNAにおいては遺伝子中に存在する制限酵素部位は全くランダムと言ってよく、操作上好適な配置をとっている場合は極めて希である。

## 【0006】

【発明が解決しようとする課題】 上述の如く、高等真核生物由来の蛋白質を原核生物である微生物を培養することによって工業的に有利に生産するためには、目的遺伝子をより好適な発現制御系に接続することとともに、遺伝子本体もまた宿主たる原核生物である微生物においてより効率よく発現するDNA配列を持ったものであることが望まれる。また、より好適な発現系に接続するにあたっての便宜上、適当な制限酵素部位が、適切に配置されていることが望まれる。本発明の目的は、cDNAを用いて高等真核生物由来の蛋白質を原核生物である微生物に生産せしめる方法の不完全さを是正し、より効率的な遺伝子発現、蛋白質生産を行なうための技術を提供することにある。

## 【0007】

【課題を解決するための手段】 本発明者らは、高等真核生物であるヒト由来の蛋白質であるヒト血清アルブミンを大腸菌等の原核生物である微生物においてより効率的に生産するために、ヒト血清アルブミンのアミノ酸配列をコードするDNA配列を、  
 ①アミノ酸配列を変化させない。  
 ②操作上有用と思われる制限酵素部位を残し、不用な制限酵素部位を除く。  
 ③目的蛋白質のN末端をコードする領域に単一の有用な制限酵素部位を設ける。

④安定な2次構造を取らないようにする。

⑤大腸菌で多用されている遺伝暗号(コドン)を用いる。

について考慮しながら設計し、化学合成したDNAのオリゴマーから実際にヒト血清アルブミンを大腸菌等の原核生物である微生物において著量生産させ得る合成DNAを構築するとともに、この合成DNAを含有するプラスミドで形質転換された微生物を培地中で培養することにより目的のヒト血清アルブミンを生産することができ、本発明を完成するに至った。

【0008】さて、cDNAを用いて大腸菌(E. coli)、枯草菌(B. subtilis)等の微生物でヒト血清アルブミンを生成する方法は、特開昭58-56684、特開昭58-150517、特開昭61-275229、特開昭62-215393などに開示されている。しかしこれらは遺伝暗号(コドン)の選択の余地の無いcDNAの持つ性格の故に、その発現効率、従って生産量には自ずと限界があるものである。大腸菌等においてのヒト血清アルブミン生産量の飛躍的な増加は、本発明によって初めて可能となった。また、特開昭62-29985には特定のアミノ酸配列から類推されるDNA配列一般が開示されているが、本発明のアミノ酸配列は特開昭62-29985に開示されているアミノ酸配列とは多くの相違点がある。

【0009】本発明者らは原核生物に適したコドンに注目して、ヒト血清アルブミンをコードするDNAをデザインして化学合成した。

【0010】なお、オリゴヌクレオチドの合成にはトリエステル法(Nuc. Acid. Res. 10, 6553 (1982))や、ホスホアミダイト法(Tetrahedron Letters 22, 1859 (1981))等の方法がすでに開発されており、いずれの方法を用いてもよい。

【0011】また、近年、合成に必要なヌクレオチドや試薬のキット更には自動合成機器も市販されているので、当然これらを用いてもよい。

【0012】次にこの合成DNAを宿主に導入し、増殖、発現させるために適当なプラスミドに組み込む。

【0013】本発明において用いられるプラスミドは特に限定されないが大腸菌を宿主とする場合は通常よく利用されるpSC101, pBR322, pUC19, pUC18, pHSG298, pHSG299, pHSG398, pHSG399等を用いればよい。

【0014】また枯草菌を宿主とする場合には、pUB110, pC194, pE194等を用いればよい。

【0015】バチルス・ブレビスを宿主とする場合は、pHY500, pNU200(Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 86, 3589 (1989))等を用いればよい。もちろん、繰り返し述べるが、本発明は上記プラスミドベクターに限定されるもの

ではない。

【0016】次に、このようにして得た組み換えDNAで宿主を形質転換するのである。形質転換法として①細胞を塩化カルシウム、塩化ルビジウム、または磷酸カルシウムで処理する方法(塩化カルシウム、塩化ルビジウム、または磷酸カルシウム法)、②電気パルスによる方法(エレクトロポーレーション法)、③プロトプラストを利用する方法(プロトプラスト法)等の方法があるが、いずれの方法を用いてもよい。またその他の方法を用いてもよい。最後にこの形質転換体を培地中で培養して菌体内に生産もしくは培地中に分泌させ、それを精製するのであるが、このプロセスは通常用いられる以下の方法に従えばよい。

【0017】培地は適当な炭素源、窒素源、無機塩類、使用菌株が特に要求する物質を含んだものを用いればよい。培養時間は使用菌株によって多少異なり特に限定されないが、通常5時間から10時間程度でよい。

【0018】生成物の取り上げ方法は、菌体内に顆粒状に生産させた場合は、集菌後菌体をリゾチーム、超音波等で処理して破碎し、低速遠心によって顆粒を沈澱、採取し、尿素や塩酸グアニジン等で処理して可溶化する。それを希釈や透析等によって巻き戻しを行い、通常よく用いられるHPLC法等によって精製すればよい。培地中に分泌生産した場合は、菌体を除去後、培地中に通常よく用いられるHPLC法等によって精製すればよい。

【0019】以下、本発明を実施例に従って具体的に説明する。

【0020】

【実施例1】

【全合成ヒト血清アルブミン遺伝子の構築】

遺伝子の設計

現在の合成DNA技術と、本発明者らの採用している精製法では安定して得られるDNA鎖は最大70塩基程度である。ヒト血清アルブミンは585アミノ酸であるので1755塩基の遺伝子が少なくとも必要であり、少なくとも25本程度に分割して合成する必要がある。また2本鎖としてプラスミドに組み込む必要があるので、その2倍のDNAを合成する必要がある。またプラスミドに組み込んだ時点で塩基配列の確認が必要なので確実に塩基配列が確認できる長さに分けてプラスミドに組み込む方が操作上都合がよい。従って全体を一度に組み立てるのではなく、8つ程度の部分に分けてフラグメントの集合を行い、そこで塩基配列の確認を行ってから全体を構築することにした。

【0021】以上の前提条件をもとに、

①ヒト血清アルブミンのアミノ酸配列を変化させない。  
②集合させる時に用いる制限酵素の認識部位を必要なだけ持たせる。

【0022】(不必要的認識部位を除く。)

③N末端のなるべく近くに遺伝子内で単一の制限酵素部

位を1つ持たせる。(様々な発現システムへ容易に遺伝子を接続することを可能にする。)

④安定な2次構造を取らないようにする。

⑤大腸菌で汎用されている遺伝子暗号をなるべく用いる。

の順番に条件を考慮しながら遺伝子の設計を行った。ヒト血清アルブミンのアミノ酸配列は複数の文献によって開示されているが、それらは互いに少しずつの相違がある(FEBS LETTERS 58, 134, (1975), Nucleic Acids Research 9, 6103, (1981), Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 71, (1982)、J. Biol. Chem. 261, 6747, (1986))。

【0023】本発明者らは、一般にDNAの配列を求める方がアミノ酸の配列を求めるよりも信頼性が高いと考えられること、報告されている年次が新しいことの2つの理由により、アミノ酸配列そのものを決定した文献ではなく、mRNAより作製したcDNAの塩基配列を決定することによってアミノ酸配列を報告している比較的新しい文献、即ち、Nucleic Acids Research 9, 6103 (1981) 及び Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 7

10 6

1. (1982) を主に参考にした。

【0024】しかし、上述の2つの文献に示されたcDNAから類推されるアミノ酸配列にも2ヶ所の相違点がある。すなわち1つは胎児の肝臓から取ったmRNAから類推したもの(Nucleic Acids Research 9, 6103 (1981))、もう1つは成人の肝臓から取ったmRNAから類推したもの(Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 71, (1982))である。

【0025】本発明者らは実用性を考えて成人の配列を採用した。コンピュータを用いてアミノ酸配列から取り得る制限酵素部位を検索し、それをもとに大腸菌で汎用されているコドンを選びながら制限酵素部位の取捨選択を行い、DNA配列の最初の候補を作成した。

【0026】その候補配列をコンピュータの高次構造検索プログラムに入力し、著しい二次構造を検索し、取り除いた。最終的に決定した遺伝子の塩基配列を図1に示した。

【0027】この設計した遺伝子でのコドンの使用割合20 を以下に示した。

【0028】

【表1】

TTT-Phe 1(0.17%)	<u>TCT-Ser</u> 5(2.56%)
TAT-Tyr 0(0.00%)	<u>TGT-Cys</u> 0(0.00%)
<u>TTC-Phe</u> 30(5.13%)	<u>TCC-Ser</u> 8(1.37%)
<u>TAC-Tyr</u> 18(3.08%)	<u>TGG-Cys</u> 35(5.98%)
TTA-Leu 0(0.00%)	TCA-Ser 1(0.17%)
TAA-*** 0(0.00%)	TGA-*** 0(0.00%)
TTC-Leu 0(0.00%)	TCC-Ser 0(0.00%)
TAG-*** 0(0.00%)	<u>TGG-Trp</u> 1(0.17%)
CTT-Leu 3(0.51%)	CCT-Pro 0(0.00%)
CAT-His 0(0.00%)	<u>CCT-Ara</u> 13(2.22%)
CTC-Leu 1(0.17%)	CCC-Pro 0(0.00%)
<u>CAC-Dis</u> 16(2.74%)	CCC-Ara 10(1.71%)
CTA-Leu 3(0.51%)	CCA-Pro 1(0.17%)
CAA-Cys 1(0.17%)	CCA-Ara 1(0.17%)
<u>CTG-Leu</u> 54(9.83%)	CCC-Pro 23(3.93%)
<u>CAG-Cys</u> 19(3.25%)	CCC-Ara 0(0.00%)
ATT-Ile 0(0.00%)	<u>AGT-Thr</u> 7(1.20%)
ATT-Aeu 0(0.00%)	AGT-Ser 0(0.00%)
<u>ATC-Ile</u> 8(1.37%)	AGC-Thr 21(3.59%)
<u>AAC-Gua</u> 17(2.91%)	AGC-Ser 0(0.00%)
ATA-Ile 0(0.00%)	ACA-Thr 0(0.00%)
<u>AAA-Lys</u> 59(9.91%)	ACA-Ara 0(0.00%)
<u>ATG-Met</u> 8(1.03%)	AGG-Thr 0(0.00%)
AAC-Lys 2(0.34%)	AGG-Ara 0(0.00%)
<u>CTT-Val</u> 17(3.91%)	<u>GCT-Ala</u> 22(3.76%)
GAT-Asp 1(0.17%)	<u>GCT-Gly</u> 9(1.34%)
GTC-Val 1(0.17%)	GGC-Ala 0(0.00%)
<u>GAC-Asp</u> 35(5.98%)	GGC-Gly 3(0.51%)
ATA-Val 13(2.22%)	GGC-Ala 22(3.76%)
<u>GAA-Glu</u> 57(9.74%)	GGG-Gly 0(0.00%)
<u>GTG-Val</u> 10(1.71%)	GGG-Ala 18(3.08%)
GAC-Gly 4(0.68%)	GGG-Gly 0(0.00%)

【0029】下線を施した部分は、大腸菌で大量に発現するとされている遺伝子に広く用いられているコドン（メジャーコドン）と、一種類しかない、メチオニン、トリプトファン、それにコドンユーセージに片寄りが見られないシステインのコードである（参考文献：細胞工学、2、1541（1983））。上記のようにほとんどメジャーコドンを用いて遺伝子を設計することができ

た。アミノ酸配列のもとにした文献のヒト血清アルブミンをコードするエクソン部分のDNA配列について同じことを行なうと以下のようになり、大腸菌におけるメジャーコドンの使用頻度はむしろ低いことが判明した。

【0030】

【表2】

TTT-Phe21(3.58%)	<u>TCT-Ser 3(0.51%)</u>
TAT-Tyr12(2.05%)	<u>TCT-Gly15(2.56%)</u>
<u>TTC-Phe10(1.71%)</u>	<u>TCC-Ser 5(0.85%)</u>
<u>TAG-Tyr 6(1.02%)</u>	<u>TGC-Gly20(3.41%)</u>
TTA-Leu10(1.71%)	TCA-Ser 6(1.02%)
TAA--- 1(0.17%)	TGA--- 0(0.00%)
TTC-Leu12(2.05%)	TGG-Ser 2(0.34%)
TAG--- 0(0.00%)	<u>TGG-Trp 1(0.17%)</u>
CTT-Leu18(3.07%)	CCT-Pro10(1.71%)
CAT-His11(1.88%)	<u>GGT-His 2(0.34%)</u>
CTG-Lys 5(0.85%)	CCC-Pro 6(1.02%)
<u>CAC-His 5(0.85%)</u>	<u>GGG-Arg 1(0.17%)</u>
CTA-Leu 4(0.68%)	CCA-Pro 7(1.19%)
CAA-Gln10(1.71%)	CGA-Arg 2(0.34%)
<u>CTG-Leu12(2.05%)</u>	<u>CCG-Pro 1(0.17%)</u>
<u>CAC-Gln10(1.71%)</u>	<u>GGG-Arg 2(0.34%)</u>
<u>ATT-Ile 3(0.51%)</u>	<u>ACT-Thr 7(1.19%)</u>
<u>ATG-His10(1.71%)</u>	<u>ACT-Ser 6(1.02%)</u>
<u>ATC-Ile 4(0.68%)</u>	<u>ACC-Thr 7(1.19%)</u>
<u>AAC-Asn 7(1.19%)</u>	<u>AGC-Ser 2(0.34%)</u>
ATA-Ile 1(0.17%)	ACA-Thr12(2.05%)
<u>AAA-Lys41(7.00%)</u>	AGA-Arg13(2.22%)
<u>ATG-His 5(1.02%)</u>	AGC-Thr 2(0.34%)
AGG-Lys19(3.24%)	AGG-Arg 4(0.68%)
<u>GTC-Val11(1.88%)</u>	<u>GCT-Ala29(4.95%)</u>
GAT-Lys25(4.27%)	<u>GGT-Gly 2(0.34%)</u>
GTC-Val 7(1.19%)	GCC-Ala14(2.38%)
<u>GAC-Asp11(1.88%)</u>	<u>GGC-Gly 3(0.51%)</u>
<u>GTA-Val 7(1.19%)</u>	<u>GCA-Ala17(2.90%)</u>
<u>GAA-Glu37(6.31%)</u>	<u>GGG-Gly 6(1.02%)</u>
<u>GTC-Val16(2.73%)</u>	<u>GCG-Ala 2(0.34%)</u>
<u>GAC-Gln24(4.10%)</u>	<u>GGG-Gly 1(0.17%)</u>

【0031】さて、図1に示した配列において、最初にあるAAGCTTの Hind III 部位は遺伝子構築の便宜上、付加したものである。またN末端近くにユニークな制限酵素部位を導入する目的で、認識部位と切断部位とが離れているFok Iを図2のように導入して切り離すようにした。

【0032】Fok Iは認識部位の9塩基／13塩基（上側鎖／下側鎖）3'側を切断するので、認識部位を図2のようにアミノ酸配列の5'に隣接して置くことにより血清アルブミン遺伝子のN末端近くで切断できるようになる。ただしこのためには、遺伝子中のFok I認識配列を全て除いておく必要がある。

【0033】遺伝子全体の構築に用いる制限酵素はHind III, Kpn I, Sal I, Pst I, Xba I, Sph I, BamH Iとした。これらの酵素での切断点地図を図3に示した。

#### 【0034】DNAの化学合成

設計したDNA配列（図1）を図4のようにフラグメン

トに分割し、Applied Biosystems社のDNA合成機を用いて各々のフラグメントの両鎖をホスホアミダイト法（Tetrahedron Letters 22, 1859 (1981)）によりそれぞれ合成した。

#### 【0035】遺伝子の構築

合成したDNAの260 nmの吸光度を測定して濃度を40 決定した後に、1回の操作で約100ピコモルを用いた。図3, 4に示した制限酵素で8つのプロックにわけ、各プロックを構成する各断片の両鎖をアニールし、T4リガーゼでライゲーションして各プロックに相当する断片を生成させ、それらをpUC18もしくはpUC19にクローン化した。クローン化した各プロックのDNA配列をジデオキシ法（Science, 214, 1205 (1981)）によって少なくとも2回にわたって確認した後、各プロックの断片を調製した。次に各断片約1 μgとpUC18またはpUC19約1 μgを用いてライゲーションを行い、プロック1, 2, 3とプロ

11

ック4, 5と、ブロック6, 7, 8とをそれぞれ連結した中間的ブロックをpUC18またはpUC19にクローン化した。最後に3つの中間的ブロック約1μgとpUC19約1μgを用いてライゲーションを行い、全ブロックを連結した目的の遺伝子を含むプラスミドpHSAを構築した(図3)。

【0036】

【実施例2】

【全合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大腸菌での発現】

前出の方法と合成機を用いて図5に示すような合成DNAを作成した。なお、同図中、SDはリボソーム結合部位を表す。次にこの合成DNAと先ほど作成したプラスミドpHSA及びプラスミドpT13s(Nco)(J. Biochem., 104, 30 (1988))とから図6に示すように発現プラスミドpSDHSA4を作成した。なお、プラスミドpT13s(Nco)は、工業技術院微生物工業研究所に寄託されている保持菌株AJ12447(FERM P-10757)から調製した。

【0037】この発現プラスミドpSDHSA4の調製の詳細は以下の通りである。即ち、pHSAをFokIとBamHIで切断し、最も大きな断片(合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大部分を含む約1.8kb断片)を調製する。一方、pT13s(Nco)をClaIとBamHIで切断し、大きい方の断片(trpプロモーター、ターミネーター、アンピシリン耐性遺伝子を含む約2.6kb断片)を調製する。この両者と図5に示した合成DNAとをT4リガーゼでライゲーションしてpSDHSA4を構築した。

【0038】このようにして得られたプラスミドpSDHSA4は、trpプロモーター-オペレーターの制御下、Met残基に成熟型HSAが直接連結した蛋白を発現するように設計されており、転写ターミネーターとしてtrpAターミネーターを備えている。

【0039】次にこの発現プラスミドpSDHSA4で通常よく用いられる塩化ルビジウム法を用いて大腸菌HB101株を形質転換し、形質転換株HB101/pSDHSA4を得た。この株をグルコース、酵母エキス、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>、NH<sub>4</sub>Cl、MgSO<sub>4</sub>、CaCl<sub>2</sub>、ビタミンB1を含む培地で培養した。培養開始後4時間でインドールアクリル酸による誘導をかけ、誘導後約15時間培養したところ、菌体内に顆粒が生成していた。

【0040】集菌後、20mM Tris-HCl 30mM NaCl 0.5M EDTAバッファーに懸濁し、0.25mg/mlリゾチームで0℃1時間処理後、超音波破碎した。顆粒を低速遠沈後、20mM Tris-HCl 30mM NaCl 0.5M EDTAバッファーにて洗浄、再び遠沈し、10mM EDTA溶液に懸濁し、顆粒画分とした。

【0041】図7(A)はHB101, HB101/p

12

SDHSA4の全菌体蛋白及び顆粒画分をSDSポリアクリルアミド電気泳動した図である。図中の1, 2, 3, Mの略号は以下の通りである。

- 【0042】1. HB101全菌体蛋白
- 2. HB101/pSDHSAE12全菌体蛋白
- 3. HB101/pSDHSAE12顆粒画分

M. 分子量マーカー

HB101/pSDHSA4の菌体蛋白には、宿主のHB101には見られない分子量約67Kのバンドが認められ、それは、顆粒画分に回収されている。ヒト血清アルブミンの分子量は約67Kであり、予定された分子量の蛋白が顆粒として生成していることがわかった。

【0043】図7(A)と同様の電気泳動後(蛋白量は1/30)、抗HSA抗体でウェスタンプロットを行なうと図7(B)のようなパターンになり、顆粒状生成した蛋白は抗ヒト血清アルブミン抗体と反応することが示された。

【0044】顆粒を6M塩酸グアニジンで可溶化し、ジチオスレイトールを加えて(final 0.1M) 100℃2分処理後、逆相HPLCで顆粒蛋白を精製した。これをアミノ酸シークエンサーにかけ、N末端付近のアミノ酸配列を調べたところ、図8のように、調べた16アミノ酸残基の全てが一致した。なお、同図中、Observedは実際に観察された配列を、Predictedは予定した配列をそれぞれ示す。

【0045】以上のことから、大腸菌においてN末端にMet残基の付加した形でヒト血清アルブミンを顆粒状に生成することができたことが示唆された。

【0046】形質転換株HB101/pSDHSA4(AJ12498)は、工業技術院微生物工業研究所に寄託されている(FERM P-11208)。

【0047】顆粒を6Mグアニジンで可溶化後、1Mジチオスレイトールを1/10量加えて100℃2分で還元を行い、逆相HPLCによって定量したところ本培養によるヒト血清アルブミンの生成量は15~20mg/L/O.Dであった。特開昭61-275229には、大腸菌における最高生成量5~10mg/L/O.Dが記載されている。本発明による生成量は、この最高生成量を2倍以上上回るものである。

【0048】

【実施例3】

【ヒト血清アルブミンの枯草菌における分泌生産】

本発明者らは、まず枯草菌のベクターとして多用されるpUB110(J. Bacteriol. 134, 318 (1978))と大腸菌のベクターpBR327(Gene 9, 287 (1980))とをEcoRI部位で連結し、大腸菌と枯草菌の両方で複製可能なシャトルベクターpBU4371を構築した。pBU4371は、大腸菌ではアンピシリン耐性、枯草菌ではカナマイシン耐性を賦与する(図9)。

13

【0049】枯草菌の $\alpha$ -アミラーゼ遺伝子amyEのうち、 $\alpha$ -アミラーゼの発現と分泌に必要な部分は、約0.4 kbの領域に存在しており、大腸菌 $\beta$ -lactamaseを枯草菌で分泌するプラスミドpTUB256 (Biochem. Biophys. Res. Commun. 134, 624, (1986)) では、この領域が0.4 kb HindIII断片として得られる。

【0050】図10は、 $\alpha$ -アミラーゼの分泌に必須であり分泌時には切り離されるシグナルペプチドの切断点 (Ala33) 付近のアミノ酸配列及びDNA配列を示している。任意のタンパク質の遺伝子を介在配列なしにシグナルペプチド切断点の直後に連結するためには、切断点の直前と目的遺伝子のN末端の直後に、アミノ酸配列を変えることなくユニークな制限酵素部位を配置し、その間を切断点とN末端を丁度つなげるようなアミノ酸配列をコードする合成DNAで連結するとよい。切断点付近のアミノ酸配列から考えられるDNA配列をもとに可能な制限酵素部位を検索したところ、HapI I部位の直後、Ala30をコードする配列をGCTからGCCに置換することによって唯一のNotI部位が導入できることが判った。

【0051】そこで、図11のような合成DNAをApplied Biosystems社製のDNA合成機を用いて作製し、次に図12のようにして汎用分泌ベクターpASEC1を構築した。pASEC1は、これをNotIとSmaIで切断し、任意の目的遺伝子の3'末端を平滑化してN末端付近の適当な制限酵素Eで切断しておき、両者を5'末端がNotI cohesiveで3'末端が制限酵素Eに合うような合成DNAで連結することによって、amyEのシグナルペプチド切断点と任意の目的蛋白とが直接連結した遺伝子を構築することができるようになっている。

#### 【0052】HSA分泌プラスミドの構築

まず図13に示すような2本の合成DNAを作製した。この2つの合成DNAと実施例1で構築した全合成ヒト血清アルブミン遺伝子を含むプラスミドpHSA (図3参照) 及びプラスミドpUC19から、プラスミドpUC33HSAを構築した (図13)。

【0053】このプラスミドpUC33HSAの構築の詳細を以下に示す。

【0054】即ち、pHSAをFokIとBamHIで切断し、最も大きな断片 (合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大部分を含む1.8 kb断片) を調製する。一方、pUC19をBamHIとHindIIIで切断しておく。これらと図13中に示した2本の合成DNAとをT4リガーゼで連結し、目的のプラスミドpUC33HSAを構築した。

【0055】さて次にプラスミドpUC33HSAを制限酵素BamHIで処理した後にクレノウ処理し、次いでNotIで処理することによって得られた1.8 kb

14

の断片と、プラスミドpASEC1をNotI, SmaIで処理して得た7.5 kbの断片とをT4リガーゼを用いて結合させた。このようにして得られたプラスミドがヒト血清アルブミン分泌プラスミドpAMY33HSA4である (図14)。

#### 【0056】枯草菌によるヒト血清アルブミンの分泌

当業者ならば容易に入手し得る枯草菌1A510株 (J. Bacteriol. 165, 934 (1983)) を上述のプラスミドpAMY33HSA4でプロトプラスト法により形質転換し、形質転換株1A510/pAMY33HSA4を得た。

【0057】このようにして得た形質転換株1A510/pAMY33HSA4とコントロールとしてプラスミドpBU4371を有する形質転換株1A510/pBU4371との両方をトリプトン、酵母エキス、NaCl、カゼインを含む培地で37°Cで振盪培養した。14, 16, 18時間で培養液をサンプリングし、培養上清を1μlずつ1回及び5回ナイロンメンブランにスポットして抗ヒト血清アルブミン抗体を用いてドットイムノプロッティングを行なったところ、図15に示すように、ヒト血清アルブミンが培地に分泌生成していたことが確認された。なお、同図中においてStandardは、SIGMAのEssential globulin free HUMAN Albuminを用いた。Brothの位置には、培地をスポットした。図中の1, 2, 4, 5の位置には1A510/pAMY33HSA4を、3, 6の位置には1A510/pBU4371をそれぞれスポットした。

【0058】形質転換株1A510/pAMY33HSA4 (AJ12493) と1A510/pBU4371 (AJ12492) は、工業技術院微生物工業研究所に寄託されている。その寄託番号は、1A510/pAMY33HSA4がFERMP-11207で、1A510/pBU4371がFERMP-11206である。

#### 【0059】

#### 【実施例4】

#### 【全合成ヒト血清アルブミン遺伝子の構築】

#### 【遺伝子の設計】

実施例1と同様の順番に条件を考慮しながら遺伝子の設計を行った。ヒト血清アルブミンのアミノ酸配列は複数の文献によって開示されているが、それらは互いに少しづつの相違がある (FEBS LETTERS 58, 134, (1975)、Nucleic Acids Research 9, 6103, (1981)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 71, (1982)、J. Biol. Chem. 261, 6747, (1986))。

【0060】本発明者らは、一般にDNAの配列を求める方がアミノ酸の配列を求めるよりも信頼性が高いと考

えられること、mRNAから逆転写によって作成されるcDNAでは、逆転写の際に塩基の間違いが生じ易いこと、報告された年次が新しいことの3つの理由により、ヒト染色体上のアルブミン遺伝子のDNA塩基配列とアミノ酸配列を決定した文献に報告されているアミノ酸配列が最も信頼性が高いと判断し、J. Biol. Chem. 261, 6747, (1986) に報告されたアミノ酸配列を採用した。

【0061】コンピュータを用いてアミノ酸配列から取り得る制限酵素部位を検索し、それともとにして大腸菌\*10

TTC-Phe 1( .17%)	TCT-Ser 15( 2.55%)	TAT-Tyr 0( .00%)	TGT-Cys 0( .00%)
TTC-Phe 10( 6.10%)	TCC-Ser 8( 1.38%)	TAC-Tyr 18( 3.08%)	TGC-Cys 35( 5.95%)
TTC-Leu 0( .00%)	TCA-Ser 11( 1.7%)	TAA-* 0( .00%)	TGA-* 0( .00%)
TTC-Leu 0( .00%)	TCC-Ser 0( .00%)	TAC-* 0( .00%)	TGG-Tyr 1( .17%)
CTT-Leu 3( .51%)	CCT-Pro 0( .00%)	CAT-Dle 0( .00%)	CCT-Arr 3( 2.11%)
CTC-Leu 1( .17%)	CCC-Pro 0( .00%)	CAC-Dle 18( 2.72%)	CGC-Arr 10( 1.70%)
CTA-Leu 3( .51%)	CCA-Pro 1( .17%)	CAA-Gly 1( .17%)	CGA-Arg 1( .17%)
CTG-Leu 54( 8.18%)	CCG-Pro 23( 3.91%)	CAG-Gln 18( 3.23%)	CGG-Arg 0( .00%)
ATT-Ile 0( .00%)	ACG-Thr 7( 1.92%)	ATC-Asn 0( .00%)	AGT-Ser 0( .00%)
ATC-Ile 8( 1.36%)	ACG-Thr 7( 1.92%)	ATC-Asn 17( 2.89%)	AGC-Ser 0( .00%)
ATA-Ile 0( .00%)	ACG-Thr 0( .00%)	AAA-Lys 57( 8.69%)	AGA-Arg 0( .00%)
ATG-His 6( 1.02%)	ACG-Thr 0( .00%)	AGA-Lys 24( .34%)	AGG-Arg 0( .00%)
GTT-Val 17( 2.69%)	GCT-Ala 22( 3.74%)	GAT-His 1( .17%)	GGT-Gly 8( 1.53%)
GTC-Val 7( .17%)	GCT-Ala 0( .00%)	GAG-Asp 35( 5.95%)	GGC-Gly 3( .51%)
GTA-Val 13( 2.21%)	GCA-Ala 22( 3.74%)	GAA-Gly 58( 8.88%)	GGA-Gly 0( .00%)
GTC-Val 10( 1.70%)	GCG-Ala 8( 3.08%)	GAG-Gly 4( .68%)	GGG-Gly 0( .00%)

【0065】下線を施した部分は、大腸菌で大量に発現するとされている遺伝子に広く用いられているコドン（メジャーコドン）と、一種類しかない、メチオニン、トリプトファン、それにコドンユーチュージに片寄りが見られないシステインのコードである（参考文献：細胞工学、2, 1541 (1983)）。上記のようにほとんどメジャーコドンを用いて遺伝子を設計することができ※

20※た。アミノ酸配列のもとにした文献のヒト血清アルブミンをコードするエクソン部分のDNA配列について同じことを行なうと以下のようにになり、大腸菌におけるメジャーコドンの使用頻度はむしろ低いことが判明した。

【0066】  
【表4】

TTC-Phe 21( 3.58%)	TCT-Ser 3( .51%)	TAT-Tyr 12( 2.05%)	TGT-Cys 15( 2.50%)
TTC-Phe 10( 1.71%)	TCC-Ser 6( .86%)	TAC-Tyr 0( 1.02%)	TGC-Cys 20( 3.14%)
TTC-Leu 0( 1.71%)	TCA-Ser 8( 1.02%)	TAA-* 1( .17%)	TGA-* 0( .00%)
TTC-Leu 2( 2.05%)	TCC-Ser 2( .34%)	TAC-* 0( .00%)	TGG-Tyr 1( .17%)
CTT-Leu 7( 2.80%)	CCT-Pro 0( 1.71%)	CAT-Dle 11( 1.68%)	CCT-Arr 2( .34%)
CTC-Leu 8( 1.02%)	CCC-Pro 0( 1.02%)	CAC-Dle 5( .85%)	CGC-Arr 4( .34%)
CTA-Leu 4( .88%)	CCA-Pro 7( 1.19%)	CAA-Gly 11( 1.88%)	CGA-Arg 2( .34%)
CTG-Leu 2( 2.05%)	CCG-Pro 4( .17%)	CAG-Gln 9( 1.54%)	GGG-Arg 2( .34%)
ATT-Ile 3( .51%)	ACG-Thr 7( 1.92%)	ATC-Asn 1( .18%)	AGT-Ser 6( 1.02%)
ATC-Ile 4( .06%)	ACG-Thr 0( .00%)	AAC-Asn 8( 1.02%)	AGC-Ser 2( .34%)
ATA-Ile 1( .17%)	ACG-Thr 1( 1.88%)	AAA-Lys 40( 8.69%)	AGA-Arg 13( 2.22%)
ATG-His 6( 1.02%)	ACG-Thr 2( .34%)	AGG-Lys 19( 3.24%)	AGG-Arg 4( .68%)
GTT-Val 12( 2.08%)	GCT-Ala 20( 4.05%)	GAT-Asp 25( 4.27%)	GGT-Gly 2( .34%)
GTC-Val 7( 1.19%)	GCT-Ala 14( 2.39%)	GAC-Asp 11( .81%)	GGC-Gly 3( .51%)
GTA-Val 7( 1.19%)	GCA-Ala 17( 2.90%)	GAA-Glu 38( 6.41%)	GGA-Gly 8( 1.02%)
GTC-Val 15( 2.50%)	GCG-Ala 2( .34%)	GAG-Gly 24( 4.10%)	GGG-Gly 1( .17%)

【0067】さて、図16に示した配列において、最初にあるAAGCTTの Hind III 部位は遺伝子構築の便宜上、付加したものである。またN末端近くにユニークな制限酵素部位を導入する目的で、認識部位と切断部位とが離れているFok Iを図2のように導入して切り離すようにした。

【0068】Fok Iは認識部位の9塩基/13塩基（上側鎖/下側鎖）3'側を切断するので、認識部位を図2のようにアミノ酸配列の5'に隣接して置くことにより血清アルブミン遺伝子のN末端近くで切断できるようになる。ただしこのためには、遺伝子中のFok I認識配列を全て除いておく必要がある。

【0069】遺伝子全体の構築に用いる制限酵素はHind III, Kpn I, Sal I, Pst I, Xba I 50

I, Sph I, BamH Iとした。これらの酵素での切断点地図を図17に示した。

#### 【0070】DNAの化学合成

40 設計したDNA配列（図16）を図18のようにフラグメントに分割し、Applied Biosystems社のDNA合成機を用いて各々のフラグメントの両鎖をホスホアミダイト法（Tetrahedron Letters 22, 1859 (1981)）によりそれぞれ合成した。

#### 【0071】遺伝子の構築

合成したDNAの260nmの吸光度を測定して濃度を決定した後に、1回の操作で約100ピコモルを用いた。図17, 18に示した制限酵素で8つのプロックにわけ、各プロックを構成する各断片の両鎖をアーニール

17

し、T4リガーゼでライゲーションして各ブロックに相当する断片を生成させ、それらをpUC18もしくはpUC19にクローン化した。クローン化した各ブロックのDNA配列をジデオキシ法(Science, 214, 1205 (1981))によって少なくとも2回にわたって確認した後、各ブロックの断片を調製した。次に各断片約1μgとpUC18またはpUC19約1μgを用いてライゲーションを行い、ブロック1, 2, 3とブロック4, 5と、ブロック6, 7, 8とをそれぞれ連結した中間的ブロックをpUC18またはpUC19にクローン化した。最後に3つの中間的ブロック約1μgとpUC19約1μgを用いてライゲーションを行い、全ブロックを連結した目的の遺伝子を含むプラスミドpHSAE2を構築した(図17)。

【0072】

【実施例5】【全合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大腸菌での発現(1)】

前出の方法と合成機を用いて図5に示すような合成DNAを作成した。なお、同図中、SDはリボソーム結合部位を表す。次にこの合成DNAと先ほど作成したプラスミドpHSAE2及びプラスミドpT13s(Nco)(J. Biochem., 104, 30 (1988))とから図19に示すように発現プラスミドpSDHSAE12を作成した。なお、プラスミドpT13s(Nco)は、工業技術院微生物工業研究所に寄託されている保持菌株AJ12447(FERM-P-10757)から調製した。

【0073】この発現プラスミドpSDHSAE12の調製の詳細は以下の通りである。即ち、pHSAE2をFokIとBamHIで切断し、最も大きな断片(合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大部分を含む約1.8kb断片)を調製する。一方、pT13s(Nco)をClaIとBamHIで切断し、大きい方の断片(trpプロモーター、ターミネーター、アンピシリン耐性遺伝子を含む約2.6kb断片)を調製する。この両者と図5に示した合成DNAとをT4リガーゼでライゲーションしてpSDHSAE12を構築した。

【0074】このようにして得られたプラスミドpSDHSAE12は、trpプロモーター-オペレーターの制御下、Met残基に成熟型HSAが直接連結した蛋白を発現するように設計されており、転写ターミネーターとしてtrpAターミネーターを備えている。

【0075】次にこの発現プラスミドpSDHSAE12で通常よく用いられる塩化ルビジウム法を用いて大腸菌HB101株を形質転換し、形質転換株HB101/pSDHSAE12を得た。この株をグルコース、酵母エキス、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, NH<sub>4</sub>Cl, MgSO<sub>4</sub>, CaCl<sub>2</sub>, ビタミンB1を含む培地で培養した。培養開始後4時間でインドールアクリル酸による誘導をかけ、誘導後約15時間培養したところ、菌体内に顆粒が生成してい

10

た。

【0076】集菌後、20mM Tris-HCl 30mM NaCl 0.5M EDTAバッファーに懸濁し、0.25mg/mlリゾチームで0℃1時間処理後、超音波破碎した。顆粒を低速遠沈後、20mM Tris-HCl 30mM NaCl 0.5M EDTAバッファーにて洗浄、再び遠沈し、10mM EDTA溶液に懸濁し、顆粒画分とした。

【0077】図7(A)はHB101, HB101/pSDHSAE12の全菌体蛋白及び顆粒画分をSDSボリアクリルアミド電気泳動した図である。図中の1, 2, 3, Mの略号は以下の通りである。

【0078】

1. HB101全菌体蛋白

2. HB101/pSDHSAE12全菌体蛋白

3. HB101/pSDHSAE12顆粒画分

M. 分子量マーカー

HB101/pSDHSAE12の菌体蛋白には、宿主のHB101には見られない分子量約67Kのバンドが認められ、それは、顆粒画分に回収されている。ヒト血清アルブミンの分子量は約67Kであり、予定された分子量の蛋白が顆粒として生成していることがわかった。

【0079】図7(A)と同様の電気泳動後(蛋白量は1/30)、抗HSA抗体でウェスタンプロッティングを行なうと図7(B)のようなパターンになり、顆粒状生成した蛋白は抗ヒト血清アルブミン抗体と反応することが示された。

【0080】顆粒を6M塩酸グアニジンで可溶化し、ジチオスレイトールを加えて(final 0.1M) 100℃2分処理後、逆相HPLCで顆粒蛋白を精製した。これをアミノ酸シークエンサーにかけ、N末端付近のアミノ酸配列を調べたところ、図8のように、調べた16アミノ酸残基の全てが一致した。なお、同図中、Observedは実際に観察された配列を、Predictedは予定した配列をそれぞれ示す。

【0081】以上のことから、大腸菌においてN末端にMet残基の付加した形でヒト血清アルブミンを顆粒状に生成することができたことが示唆された。

【0082】形質転換株HB101/pSDHSAE12(AJ12576)は、工業技術院微生物工業研究所に寄託されている(FERM P-11804)。

【0083】顆粒を6Mグアニジンで可溶化後、1Mジチオスレイトールを1/10量加えて100℃2分で還元を行い、逆相HPLCによって定量したところ本培養によるヒト血清アルブミンの生成量は15~20mg/L/O.Dであった。特開昭61-275229には、大腸菌における最高生成量5~10mg/L/O.Dが記載されている。本発明による生成量は、この最高生成量を2倍以上上回るものである。

50 【0084】

## 【実施例6】

【ヒト血清アルブミンの枯草菌における分泌生産】  
本発明者らは、まず枯草菌のベクターとして多用されるpUB110 (J. Bacteriol. 134, 318 (1978)) と大腸菌のベクターpBR327 (Gene 9, 287 (1980)) とをEcoRI部位で連結し、大腸菌と枯草菌の両方で複製可能なシャトルベクターpBU4371を構築した。pBU4371は、大腸菌ではアンピシリン耐性、枯草菌ではカナマイシン耐性を賦与する(図9)。

【0085】枯草菌の $\alpha$ -アミラーゼ遺伝子amyEのうち、 $\alpha$ -アミラーゼの発現と分泌に必要な部分は、約0.4kbの領域に存在しており、大腸菌 $\beta$ -lactamaseを枯草菌で分泌するプラスミドpTUB256 (Biochem. Biophys. Res. Commun. 134, 624, (1986)) では、この領域が0.4kb HindIII断片として得られる。

【0086】図10は、 $\alpha$ -アミラーゼの分泌に必須であり分泌時には切り離されるシグナルペプチドの切断点(A1a33)付近のアミノ酸配列及びDNA配列を示している。任意のタンパク質の遺伝子を介在配列なしにシグナルペプチド切断点の直後に連結するためには、切断点の直前と目的遺伝子のN末端の直後に、アミノ酸配列を変えることなくユニークな制限酵素部位を配置し、その間を切断点とN末端を丁度つなげるようなアミノ酸配列をコードする合成DNAで連結するとよい。切断点付近のアミノ酸配列から考えられるDNA配列をもとに可能な制限酵素部位を検索したところ、HapII部位の直後、A1a30をコードする配列をGCTからGCに置換することによって唯一のNotI部位が導入できることが判った。

【0087】そこで、図11のような合成DNAをApplied Biosystems社製のDNA合成機を用いて作製し、次に図12のようにして汎用分泌ベクターpASEC1を構築した。pASEC1は、これをNotIとSmaIで切断し、任意の目的遺伝子の3'末端を平滑化してN末端付近の適当な制限酵素Eで切断しておき、両者を5'末端がNotI cohesiveで3'末端が制限酵素Eに合うような合成DNAで連結することによって、amyEのシグナルペプチド切断点と任意の目的蛋白とが直接連結した遺伝子を構築することができるようになっている。

## 【0088】HSA分泌プラスミドの構築

まず図20に示すような2本の合成DNAを作製した。この2つの合成DNAと実施例4で構築した全合成ヒト血清アルブミン遺伝子を含むプラスミドpHSAE2(図17参照)及びプラスミドpUC19とから、プラスミドpUC33HSAEを構築した(図20)。

【0089】このプラスミドpUC33HSAEの構築の詳細を以下に示す。

【0090】即ち、pHSAE2をFokIとBamHIで切断し、最も大きな断片(合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大部分を含む1.8kb断片)を調製する。一方、pUC19をBamHIとHindIIIで切断しておく。これらと図20中に示した2本の合成DNAとをT4リガーゼで連結し、目的のプラスミドpUC33HSAEを構築した。

【0091】さて次にプラスミドpUC33HSAEを制限酵素BamHIで処理した後にクレノウ処理し、次いでNotIで処理することによって得られた1.8kbの断片と、プラスミドpASEC1をNotI, SmaIで処理して得た7.5kbの断片とをT4リガーゼを用いて結合させた。このようにして得られたプラスミドがヒト血清アルブミン分泌プラスミドpAMY33HSAE2である(図21)。

## 【0092】枯草菌によるヒト血清アルブミンの分泌

当業者ならば容易に入手し得る枯草菌1A510株(J. Bacteriol. 165, 934 (1983))を上述のプラスミドpAMY33HSAE2でプロトプラスト法により形質転換し、形質転換株1A510/pAMY33HSAE2を得た。

【0093】このようにして得た形質転換株1A510/pAMY33HSAE2とコントロールとしてプラスミドpBU4371を有する形質転換株1A510/pBU4371との両方をトリプトン、酵母エキス、NaCl、カゼインを含む培地で37℃で振盪培養した。14, 16, 18時間で培養液をサンプリングし、培養上清を1μlずつ1回及び5回ナイロンメンブランにスポットして抗ヒト血清アルブミン抗体を用いてドットイムノプロッティングを行なったところ、図15に示すように、ヒト血清アルブミンが培地に分泌生成していたことが確認された。なお、同図においてStandardsは、SIGMAのEssential globulin free HUMAN Albuminを用いた。Borthの位置には、培地をスポットした。図中の1, 2, 4, 5の位置には1A510/pAMY33HSAE2を、3, 6の位置には1A510/pBU4371をそれぞれスポットした。

【0094】形質転換株1A510/pAMY33HSAE2(AJ12578)と1A510/pBU4371(AJ12492)は、工業技術院微生物工業研究所に寄託されている。その寄託番号は、1A510/pAMY33HSAE2がFERM P-11806で、1A510/pBU4371がFERM P-11206である。

## 【0095】

【実施例7】【全合成ヒト血清アルブミン遺伝子の大腸菌での発現(2)】

大腸菌でのもう1つの発現プラスミドを図22のようにして構築した。即ち、まず実施例5で構築したプラスミ

21

ドpSDHASE12のtrpAターミネーターを含む0.3kb BamHI-HincII断片をpHSG299のBamHI-HincIIサイトに連結し、pKT91を構築する。次にpSDHASE12のtrpプロモーターを含む80bp EcoRI-ClaI断片と、ヒト血清アルブミン遺伝子を含む1.8kb ClaI-BamHI断片とをpKT91のEcoRI-BamHIサイトに連結し、目的のプラスミドpKT91HSAE4を得た。

【0096】次にこの発現プラスミドpKT91HSAE4で通常よく用いられる塩化ルビジウム法を用いて大腸菌HB101株を形質転換し、形質転換株HB101/pKT91HSAE4を得た。この株を実施例5と同様な培地で培養を行ったところ、やはり菌体内に顆粒が生成した。

【0097】実施例5と同様に顆粒を調製し、同様にヒト血清アルブミンの定量を行ったところ、生成量は80~90mg/L/O.Dであり、実施例5の生成量をさらに4倍以上上回るものであった。

【0098】HB101/pKT91HSAE4 (AJ 20 12577) は、工業技術院微生物工業研究所に寄託さ

22

れている (FERM P-11805)。

【0099】

【発明の効果】原核生物が好んで用いるコドンを多用するようにしてデザインした合成DNAを用いて目的とするヒト血清アルブミンを生産させる本発明は、cDNAを用いてヒト血清アルブミンを微生物に生産させる従来の方法の不完全さを是正し、より効率的な蛋白質生産を行う上で極めて重要なものである。

【0100】

【配列】配列番号：1

配列の長さ：1781

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列の特徴

特徴を表す記号：cleavage-site

存在位置：21..26

特徴を決定した方法：S

配列

【0101】

23

24

## 配列表(配列番号1)

10 20 30 40  
 5' AA GCTTGGGATG GAC GCT CAC AAA TCC GAA GTT GCG CAC CGT TTT AAA  
 Asp Ala His Lys Ser Glu Val Ala His Arg Phe Lys

60 60 70 80 90  
 GAC CTG GGT GAG GAA AAC TTC AAA GCG CTG GTT CTG ATC GCT TTC GCT  
 Asp Leu Gly Glu Glu Asn Phe Lys Ala Leu Val Leu Ile Ala Phe Ala

100 110 120 130 140  
 CAG TAC CTT CAG CAG TGC CCG TTC GAG GAC CAC GTT AAA CTG GTC AAC  
 Gln Tyr Leu Gln Gln Cys Pro Phe Glu Asp His Val Lys Leu Val Asn

150 160 170 180 190  
 GAA GTA ACC GAA TTC GCT AAA ACC TGC GTA GCT GAC GAA TCT GCA GAA  
 Glu Val Thr Glu Phe Ala Lys Thr Cys Val Ala Asp Glu Ser Ala Glu

200 210 220 230 240  
 AAC TGC GAC AAA TCC CTG CAC ACC CTG TTC GGT GAC AAA CTG TGC ACT  
 Asn Cys Asp Lys Ser Leu His Thr Leu Phe Gly Asp Lys Leu Cys Thr

250 260 270 280  
 CTT GCC ACC CTC CGC GAA ACC TAC CGT GAA ATG GCT GAC TGC TGC GCT  
 Val Ala Thr Leu Arg Glu Thr Tyr Gly Glu Met Ala Asp Cys Cys Ala

290 300 310 320 330  
 AAA CAG GAA CGG GAA CGG AAC GAA TCC TTC CTT CAG CAC AAA GAC GAC  
 Lys Gln Glu Pro Glu Arg Asn Glu Cys Phe Leu Gln His Lys Asp Asp

340 350 360 370 380  
 AAC CCG AAC CTG CGC CGC CTG GTT CGT CCG GAA GTC GAC GTA ATG TGC  
 Asn Pro Asn Leu Pro Arg Leu Val Arg Pro Glu Val Asp Val Met Cys

390 400 410 420 430  
 ACC GCA TTC CAC GAC AAC GAA GAA ACC TTC CTG AAA AAA TAC CTG TAC  
 Thr Ala Phe His Asp Asn Glu Gln Thr Phe Leu Lys Tyr Leu Tyr

440 450 460 470 480  
 GAA ATC GCA CGC CGT CAC CCG TAC TTC TAC GCA CCG GAA CTG CTG TTC  
 Glu Ile Ala Arg Arg His Pro Tyr Phe Tyr Ala Pro Glu Leu Leu Phe

[0102]

25

26

490 500 510 520  
 TTC GCT AAA CGT TAC AAA GCA GCT TTC ACT GAA TGC TGC CAG GCG  
 Phe Ala Lys Arg Tyr Lys Ala Ala Phe Thr Glu Cys Cys Gln Ala  
  
 530 540 550 560 570  
 GCT GAC AAA GCG GCA TCC CTG CTG CCG AAA CTG GAC GAA CTG CCT GAC  
 Ala Asp Lys Ala Ala Cys Leu Leu Pro Lys Leu Asp Glu Leu Arg Asp  
  
 580 590 600 610 620  
 GAA GGT AAG GCG TCT TCT GCA AAA CAG CGT CTG AAA TGC CCT TCT CTC  
 Glu Gly Lys Ala Ser Ser Ala Lys Gln Arg Leu Lys Cys Ala Ser Leu  
  
 630 640 650 660  
 CAG AAA TTC GGT GAA CGT GCA TTC AAA GCG TGG GCA GTT GCG CGC CTG  
 Gln Lys Phe Gly Glu Arg Ala Phe Lys Ala Trp Ala Val Ala Arg Leu  
  
 670 680 690 700 710  
 TCC CAG CGC TTC CCG AAA GCA GAA TTC GCA GAA GTG TCT AAA CTG GTT  
 Ser Gln Arg Phe Pro Lys Ala Glu Phe Ala Glu Val Ser Lys Leu Val  
  
 720 730 740 750 760  
 ACT GAC CTG ACC AAA GTT CAC ACC GAA TGC TGC CAC GGC GAC CTT CTA  
 Thr Asp Leu Thr Lys Val His Thr Glu Cys Cys His Gly Asp Leu Leu  
  
 770 780 790 800 810  
 GAG TGC GCA GAC GAC CGT GCG GAC CTG GCG AAA TAC ATC TGC GAA AAC  
 Glu Cys Ala Asp Asp Arg Ala Asp Leu Ala Lys Tyr Ile Cys Glu Asn  
  
 820 830 840 850 860  
 CAG GAC TCC ATC TCT TCT AAA CTG AAA GAA TGC TGC GAA AAA CCG CTG  
 Gln Asp Ser Ile Ser Ser Lys Leu Lys Glu Cys Cys Glu Lys Pro Leu  
  
 870 880 890 900  
 CTG GAA AAA TCT CAC TGC ATC GCA GAA GTT GAA AAC GAC GAA ATG CGG  
 Leu Glu Lys Ser His Cys Ile Ala Glu Val Glu Asn Asp Glu Met Pro  
  
 910 920 930 940 950  
 GCG GAT CTG CCG TCT CTG GCG GCT GAC TTC GTT GAA TCA AAA GAC GTG  
 Ala Asp Leu Pro Ser Leu Ala Ala Asp Phe Val Glu Ser Lys Asp Val

[0103]

27

28

960 970 980 990 1000  
 TGC AAA AAC TAC GCA GAA GCA AAA GAC GTC TTC CTA CGT ATG TTC CTG  
 Cys Lys Asn Tyr Ala Glu Ala Lys Asp Val Phe Leu Gly Met Phe Leu

1010 1020 1030 1040 1050  
 TAC GAA TAC GCT CGT CGA CAC CGG GAC TAC TCT GTG GTT CTG CTG CTG  
 Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg His Pro Asp Tyr Ser Val Val Leu Leu

1060 1070 1080 1090 1100  
 CCC CTG GCA AAA ACC TAC GAA ACT ACC CTG GAA AAA TGC TGC GCA GCG  
 Arg Leu Ala Lys Thr Tyr Glu Thr Thr Leu Glu Lys Cys Cys Ala Ala

1110 1120 1130 1140 1150  
 GCT GAC CCA CAC GAA TGC TAC GCA AAA GTG TTC GAC GAA TTC AAA CCG CTG  
 Ala Asp Pro His Glu Cys Tyr Ala Lys Val Phe Asp Glu Phe Lys Pro Leu

1160 1170 1180 1190 1200  
 GTT GAA GAA CCG CAG AAC CTG ATC AAA CAG AAC TGC GAA CTG TTC AAA  
 Val Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Lys

1210 1220 1230 1240  
 CAG CTG GGT GAA TAC AAA TTC CAG AAC GCT CTG CTG GTT CGC TAC ACC  
 Gln Leu Gly Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr

1250 1260 1270 1280 1290  
 AAA AAG GTA CCG CAG GTG TCT ACT CCG ACC CTG GTG GAA GAA GTA TCC CGT  
 Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg

1300 1310 1320 1330 1340  
 AAC CTG GGT AAA GTT GGC TCT AAA TGC TGC AAA CAC CCG GAA GCG AAA  
 Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Glu Ala Lys

1350 1360 1370 1380 1390  
 CGT ATG CCG TGC GCG GAA GAC TAC CTG TCC GTG GTG CTG AAC CAG CTG  
 Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu

1400 1410 1420 1430 1440  
 TGC GTT CTG CAC GAA AAA ACC CCG GTT TCT GAC CGT GTC ACT AAA TGC  
 Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys

[0104]

29

30

1450 1460 1470 1480  
 TGC ACC GAA TCT CTG GTT AAC CGC CGT CCG TGC TTC TCC GCT CTA GAG  
 Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu

 1490 1500 1510 1520 1530  
 GTT GAC GAA ACC TAC GTA CCG AAA GAA TTC AAC GCA GAA ACC TTC ACT  
 Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr

 1540 1550 1560 1570 1580  
 TTC CAC GCG GAC ATC TGC ACC CTG TCC GAA AAA GAA CGC CAG ATC AAA  
 Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys

 1590 1600 1610 1620 1630  
 AAA CAG ACC GCT CTG GTG GAA CTG GTA AAA CAC AAA CCG AAA GCA ACC  
 Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr

 1640 1650 1660 1670 1680  
 AAA GAA CAA CTG AAA GCG GTG ATG GAC GAC TTC GCA GCT TTC GTA GAA  
 Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu

 1690 1700 1710 1720  
 AAA TGC TCC AAA GCT GAC GAC AAA GAA ACC TCC TTC CCT GAA GAA GCT  
 Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly

 1730 1740 1750 1760 1770  
 AAA AAA CTG GTA GCT GCG TCT CAG GCT GCA CTG GGC CTG TAATGATAGG  
 Lys Lys Leu Val Ala Ala Ser Gin Ala Ala Leu Gly Leu

1780  
ATCC 3'

【0105】配列番号：2

配列の長さ：1781

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸 合成DNA

配列の特徴

特徴を表す記号：c l e a v a g e - s i t e

存在位置：21..26

特徴を決定した方法：S

30 配列

【0106】

31

32

## 配列表(配列番号2)

10	20	30	40	
5' AA GCTTGGGAAG GAC GCT CAC AAA TCC GAA GTT GCG CAC CGT TTT AAA				
Asp Ala His Lys Ser Glu Val Ala His Arg Phe Lys				
50	60	70	80	90
GAC CTG GCT GAG GAA AAC TTC AAA CGG CTG GTT CTG ATC GCT TTC GCT				
Asp Leu Gly Glu Glu Asn Phe Lys Ala Leu Val Leu Ile Ala Phe Ala				
100	110	120	130	140
CAG TAC CTT CAG CAG TCC CGG TTC GAG GAC CAC GTT AAA CTG GTA AAC				
Gln Tyr Leu Gln Gln Cys Pro Phe Glu Asp His Val Lys Leu Val Asn				
150	160	170	180	190
GAA GTA ACC GAA TTC GCT AAA ACC TCC GTA GCT GAC GAA TCT GCA GAA				
Glu Val Thr Glu Phe Ala Lys Thr Cys Val Ala Asp Glu Ser Ala Glu				
200	210	220	230	240
AAC TCC GAC AAA TCC CTG CAC ACC CTG TTC GGT GAC AAA CTG TGC ACT				
Asn Cys Asp Lys Ser Leu His Thr Leu Phe Gly Asp Lys Leu Cys Thr				
250	260	270	280	
GTT GCG ACC CTG CGC GAA ACC TAC GGT GAA ATG GCT GAC TGC TGC GCT				
Val Ala Thr Leu Arg Glu Thr Tyr Gly Glu Met Ala Asp Cys Cys Ala				
290	300	310	320	330
AAA CAG GAA CCG GAA CGC AAC GAA TGC TTC CTT CAG CAC AAA GAC GAC				
Lys Gln Glu Pro Glu Arg Asn Glu Cys Phe Leu Gln His Lys Asp Asp				
340	350	360	370	380
AAC CCG AAC CTG CCG CGC CTG GTT CGT CCG GAA GTC GAC GTA ATG TGC				
Asn Pro Asn Leu Pro Arg Leu Val Arg Pro Glu Val Asp Val Met Cys				
390	400	410	420	430
ACC GCA TTC CAC GAC AAC GAA GAA ACC TTC CTG AAA AAA TAC CTG TAC				
Thr Ala Phe His Asp Asn Glu Glu Thr Phe Leu Lys Lys Tyr Leu Tyr				
440	450	460	470	480
GAA ATC GCA CGC CGT CAC CGG TAC TTC TAC GCA CGG GAA CTG CTG TTC				
Glu Ile Ala Arg Arg His Pro Tyr Phe Tyr Ala Pro Glu Leu Leu Phe				

[0107]

33

34

490 500 510 520  
 TTC GCT AAA CGT TAC AAA GCA GCT TTC ACT GAA TGC TGC CAG GCG  
 Phe Ala Lys Arg Tyr Lys Ala Ala Phe Thr Glu Cys Cys Gln Ala  
  
 530 540 550 560 570  
 GCT GAC AAA GCG GCA TGC CTG CTG CCG AAA CTG GAC GAA CTG CGT GAC  
 Ala Asp Lys Ala Ala Cys Leu Leu Pro Lys Leu Asp Glu Leu Arg Asp  
  
 580 590 600 610 620  
 GAA GGT AAG GCG TCT TCT GCA AAA CAG CGT CTG AAA TGC GCT TCT CTC  
 Glu Gly Lys Ala Ser Ser Ala Lys Gln Arg Leu Lys Cys Ala Ser Leu  
  
 630 640 650 660  
 CAG AAA TTC GGT GAA CGT GCA TTC AAA GCG TGG GCA GTT GCG CGC CTG  
 Gln Lys Phe Gly Glu Arg Ala Phe Lys Ala Trp Ala Val Ala Arg Leu  
  
 670 680 690 700 710  
 TCC CAG CGC TTC CCG AAA GCA GAA TTC GCA GAA GTG TCT AAA CTG GTT  
 Ser Gln Arg Phe Pro Lys Ala Glu Phe Ala Glu Val Ser Lys Leu Val  
  
 720 730 740 750 760  
 ACT GAC CTG ACC AAA GTT CAC ACC GAA TGC TGC CAC GGC GAC CTT CTA  
 Thr Asp Leu Thr Lys Val His Thr Glu Cys Cys His Gly Asp Leu Leu  
  
 770 780 790 800 810  
 GAG TGC GCA GAC GAC CGT GCG GAC CTG GCG AAA TAC ATC TGC GAA AAC  
 Glu Cys Ala Asp Asp Arg Ala Asp Leu Ala Lys Tyr Ile Cys Glu Asn  
  
 820 830 840 850 860  
 CAG GAC TCC ATC TCT TCT AAA CTG AAA GAA TGC TGC GAA AAA CCG CTG  
 Gln Asp Ser Ile Ser Ser Lys Leu Lys Glu Cys Cys Glu Lys Pro Leu  
  
 870 880 890 900  
 CTG GAA AAA TCT CAC TGC ATC GCA GAA GTA GAA AAC GAC GAA ATG CCG  
 Leu Glu Lys Ser His Cys Ile Ala Glu Val Glu Asn Asp Glu Met Pro  
  
 910 920 930 940 950  
 GCG GAT CTG CCG TCT CTG GCG GCT GAC TTC GTT GAA TCA AAA GAC GTG  
 Ala Asp Leu Pro Ser Leu Ala Ala Asp Phe Val Glu Ser Lys Asp Val

[0108]

35

36

960 970 980 990 1000  
 TGC AAA AAC TAC GCA GAA GCA AAA GAC GTA TTC CTA GGT ATG TTC CTG  
 Cys Lys Asn Tyr Ala Glu Ala Lys Asp Val Phe Leu Gly Met Phe Leu

1010 1020 1030 1040 1050  
 TAC GAA TAC GCT CCT CGA CAC CCG GAC TAC TCT GTG GTT CTG CTG CTG  
 Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg His Pro Asp Tyr Ser Val Val Leu Leu

1060 1070 1080 1090 1100  
 CGC CTG GCA AAA ACC TAC GAA ACT ACC CTG GAA AAA TGC TGC GCA GCG  
 Arg Leu Ala Lys Thr Tyr Glu Thr Thr Leu Glu Lys Cys Ala Ala

1110 1120 1130 1140 1150  
 GCT GAC CCA CAC GAA TGC TAC GCA AAA GTG TTC GAC GAA TTC AAA CCG CTG  
 Ala Asp Pro His Glu Cys Tyr Ala Lys Val Phe Asp Glu Phe Lys Pro Leu

1160 1170 1180 1190 1200  
 GTT GAA GAA CGG CAG AAC CTG ATC AAA CAG AAC TGC GAA CTG TTC GAA  
 Val Glu Glu Pro Gln Asn Leu Ile Lys Gln Asn Cys Glu Leu Phe Glu

1210 1220 1230 1240  
 CAG CTG CGT GAA TAC AAA TTC CAG AAC GCT CTG CTG GTT CGC TAC ACC  
 Gln Leu Glu Glu Tyr Lys Phe Gln Asn Ala Leu Leu Val Arg Tyr Thr

1250 1260 1270 1280 1290  
 AAA AAG GTA CCG CAG GTG TCT ACT CCG ACC CTG GTG GAA GTA TCC CGT  
 Lys Lys Val Pro Gln Val Ser Thr Pro Thr Leu Val Glu Val Ser Arg

1300 1310 1320 1330 1340  
 AAC CTG GGT AAA GTT GGC TCT AAA TGC TCC AAA CAC CCG GAA GCG AAA  
 Asn Leu Gly Lys Val Gly Ser Lys Cys Cys Lys His Pro Gln Ala Lys

1350 1360 1370 1380 1390  
 CGT ATG CCG TGC GCG GAA GAC TAC CTG TCC GTG GTG CTG AAC CAG CTG  
 Arg Met Pro Cys Ala Glu Asp Tyr Leu Ser Val Val Leu Asn Gln Leu

1400 1410 1420 1430 1440  
 TGC GTT CTG CAC GAA AAA ACC CCG GTT TCT GAC CGT GTA ACT AAA TGC  
 Cys Val Leu His Glu Lys Thr Pro Val Ser Asp Arg Val Thr Lys Cys

[0109]

37

38

1450 1460 1470 1480  
 TGC ACC GAA TCT CTG GTT AAC CGC CGT CCG TGC TTC TCC GCT CTA GAG  
 Cys Thr Glu Ser Leu Val Asn Arg Arg Pro Cys Phe Ser Ala Leu Glu  
  
 1490 1500 1510 1520 1530  
 GTT GAC GAA ACC TAC GTC CGG AAA GAA TTC AAC GCA GAA ACC TTC ACT  
 Val Asp Glu Thr Tyr Val Pro Lys Glu Phe Asn Ala Glu Thr Phe Thr  
  
 1540 1550 1560 1570 1580  
 TTC CAC CGG GAC ATC TGC ACC CTG TCC GAA AAA GAA CGC CAG ATC AAA  
 Phe His Ala Asp Ile Cys Thr Leu Ser Glu Lys Glu Arg Gln Ile Lys  
  
 1590 1600 1610 1620 1630  
 AAA CAG ACC GCT CTG GTG GAA CTG GTA AAA CAC AAA CGG AAA GCA ACC  
 Lys Gln Thr Ala Leu Val Glu Leu Val Lys His Lys Pro Lys Ala Thr  
  
 1640 1650 1660 1670 1680  
 AAA GAA CAA CTG AAA GCG GTG ATG GAC GAC TTC GCA GCT TTC GTA GAA  
 Lys Glu Gln Leu Lys Ala Val Met Asp Asp Phe Ala Ala Phe Val Glu  
  
 1690 1700 1710 1720  
 AAA TGC TGC AAA GCT GAC GAC AAA GAA ACC TGC TTC GCT GAA GAA GGT  
 Lys Cys Cys Lys Ala Asp Asp Lys Glu Thr Cys Phe Ala Glu Glu Gly  
  
 1730 1740 1750 1760 1770  
 AAA AAA CTG GTA GCT GCG TCT CAG GCT GCA CTG GGC CTG TAATGATAGG  
 Lys Lys Leu Val Ala Ala Ser Gln Ala Leu Gly Leu  
  
 1780  
 ATCC 3'

## 【図面の簡単な説明】

【図1】本発明者らが設計し、実際に全合成して構築した、ヒト血清アルブミンをコードするDNA配列を示す図である。

【図2】ヒト血清アルブミンのN末端付近に単一の制限酵素切断部位を導入するために配置したF o k I 認識部位と切断部位を示す図である。

【図3】遺伝子中の制限酵素部位の配置を示す図である。なお、矢印はブロック1からブロック8各々の領域と、3つの中間的ブロックの領域、及びp H S Aが保持する領域を示す。

【図4】図4Aはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック1から3を示す図である。図4Bはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック4、5を示す図である。図4Cはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック6から8を示す図である。

【図5】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌の発現ベクターに接続するために作製した合成DNAを示す図である。なお、SDは、リボソーム結合部位を表す。

【図6】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌で発現するプラスミドp SDHSA 4の構築手順を示す図である。なお、プラスミドp T 1 3 S (N c o) は、大腸菌

t r p プロモーターを含む公知のプラスミドである。

【図7】ポリアクリルアミド電気泳動図及びウェスタンプロッティング図である。詳細に述べると(A)はSD Sポリアクリルアミド電気泳動後、クーマシーブルーでタンパク質を染色した図である。また(B)は(A)の1/30量の蛋白を用いて同様の電気泳動後、ゲル内の蛋白をナイロンメンブランにエレクトロトランズファーし、抗ヒト血清アルブミン抗体を用いてウェスタンプロッティングした図である。図中の1, 2, 3, Mの略号は以下の通りである。

1. HB 1 0 1 全菌体蛋白
2. HB 1 0 1 / p SDHSAE 1 2 全菌体蛋白
3. HB 1 0 1 / p SDHSAE 1 2 顆粒画分
- M. 分子量マーカー

【図8】精製顆粒蛋白のアミノ酸配列を示す図である。Observedは実際に観察された配列、Predictedは予定した配列を示す。

【図9】シャトルベクターp BU 4 3 7 1の構築を示す図である。

【図10】 $\alpha$ -アミラーゼの分泌に必須であり分泌時には切り離される、amy Eのシグナルペプチドの切断点(A1a33)付近のアミノ酸配列及びDNA配列を示す図である。なお、矢印は、A1a33をコードする配列をG C T からG C C に置換することによってN o t I 50 部位が生ずること、及びシグナルペプチド切断点を表わ

す。

【図11】分泌ベクター構築のために作製した合成DNAを示す図である。

【図12】分泌ベクターpASEC1の構築図である。

【図13】pASEC1に接続するためのヒト血清アルブミン遺伝子の構築図である。

【図14】ヒト血清アルブミンを枯草菌で分泌するためのプラスミドpAMY33HSA4の構築図である。

【図15】1A510/pAMY33HSA4または1A510/pAMY33HSAE2及び1A510/pBU4371の培養14, 16, 18時間目の培養上清10を1回及び5回ナイロンメンブランにスポットし、抗ヒト血清アルブミン抗体でプロッティングした図である。Standardsは、SIGMAのEssential globulin free HUMAN A1buninを用いた。Brothの位置には、培地をスポットした。図中の1, 2, 4, 5の位置には1A510/pAMY33HSA4または1A510/pAMY33HSAE2を、3, 6の位置には1A510/pBU4371をそれぞれスポットした。

【図16】本発明者らが設計し、実際に全合成して構築した、ヒト血清アルブミンをコードするDNA配列を示す図である。

【図17】遺伝子中の制限酵素部位の配置を示す図であ

る。なお、矢印はブロック1からブロック8各々の領域と、3つの中間的ブロックの領域、及びpHSAE2が保持する領域を示す。

【図18】図18Aはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック1から3を示す図である。図18Bはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック4, 5を示す図である。図18Cはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック6から8を示す図である。

【図19】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌で発現するプラスミドpSDHSAE12の構築手順を示す図である。なお、プラスミドpT13S(Nco)は、大腸菌trpプロモーターを含む公知のプラスミドである。

【図20】pASEC1に接続するためのヒト血清アルブミン遺伝子の構築図である。

【図21】ヒト血清アルブミンを枯草菌で分泌するためのプラスミドpAMY33HSAE2の構築図である。

【図22】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌で発現するプラスミドpKT91HSAE4の構築手順を示す図である。

20

【図1】

```

1' AACCTTGGGA TGGACCCCTCA CAAATCCGAA CTTGGCCACG CTTTTAAAGA CCTGGGTGAG
GAAAACCTTCG AAGCCCTGGT TCTGATCCTGT TCCCTCTACT ACCTTCAGCA GTGCCCCCTTC
GAGGACCCAGG TAAACTCGGT AAACGAACTA ACGGAATTTCG CTAAACCTG CCTAGCTCAC
CAATCTGGAG AAAACTCGGA CAAATCCCTG CACACCCGTGT CGCGTGACAA ACTGCTGAACT
GTTECCGACCC TCGGGAAACAC CTACCGTAA ATGCGTACTG GCTGGCGCTAA ACAGGAACCC
AAACOCACCG ATAGCTTCTCT TCAACACAAA CAGCGACACCG CGAACCTGCC CGGGCTGGTT
CGTCCGGAGG TCGACCGTAAAT GTGACCCGCA TTCCGACGACA ACCAAGAAAC CTTCCTGAA
AAATACCTGT ACCAAATTCGC ACCCGGTACAC CGGTACTTCT ACACGACCCGA ACTGCTGTT
TTCCCTAAACG TTTACAAAGC AGCTTCTACT CGATGCTGCG AGGCACCGTGA CAAACCGCA
TCCCTGGCTGC CGAACCTGGT CGAACCTGGT GACGAAGGTA AGCGCTCTGC TCCAAACACAG
CGTCTGAAATT CGCGCTCTCT CGCACAAATTG CCTGAAACCTG CATTCAAAAGC GTGGGCAAGTT
CGGGCCCTGT CCCACCGCTT CGGGAAAGCA GAAATCGCA AGCTGCTAA ACTGGTTACT
GACCTGACCA AAGTTCAGAC CGAACATCGC CACGGGGACG TTCTAGAGTG CGGAGACGAC
CGTGGGGACC TGGCGAAATA CATCTGGAA AACCAAGACT CGATCTCTGC TAAACTGAAA
GAAATGCTGG CGAACCTGGT CGTGGAAAGA TCTCACTGCA TCGGAGAAGT AGAAAACGAC
GAAATGCGG CGGATCTGGC GTCTGGCG CGTCAATCAAG AGACGTCTGC
AAAATACCTGG CAGAACAAAA AGACGTAATC CTAGGTATCTG TCTCTGACCA ATACGCTCTG
CGACACCCGG ACTACTCTGT GCTTCTGCTG CTGGGCTGG CAAAAACCTA CGAAAGTACCC
CTGGAAACCTG CGTGGGGACG CGCTGACCCG CACGGATGCTT AGCGAAAAGT GTTCGACGAA
TTCAACCCGG TGGTGAAGA ACCCGAGAAC CTCATCAAC AGAACTGCGA ACTGTTCAAA
GAGCTGGGTG AATACAAATT CGAACACGT CGTACACCCAA AAAGGTACCC
GAGGTCTCTA CGCCGACCTG GGTGAAAGTA TCCCTAAACG TGGCTAAAGT TGGCTCTAA
TCCCTGGAAACG ACCCGGGAGC OAAACGTTATG CCGTGGGGAGAAGACTACT GTCCGGTCTGC
CTGAAACCCAGC TGGTGGCTGTG CGACGGAAAAA ACCCGGGGTTT CTGACCGGTGT AACTAAATCC
TGGCAACCGAGC TGTGGCTGTG CGACGGAAAAA ACCCGGGGTTT CTGACCGGTGT AACTAAATCC
TGGCAACCGAGT CTCTGGTTAA CGCCGGTCCG TCCCTTCTCG CTCTAGAGGT TGACGAAACCC
TACCTACCGA AACAAATCCG CGACGGAAACG TTCACTTTCC CGCGGGACAT CGGACCCCTG
TCCGAAACCG AACGGCAGAT CGAACAAACAG ACCGGCTCTGG TGGAACTGTT AAAACACAAA
CGGAAAGGAA CGAACGAGCA ACTGAAAGCG CGTACGACCG ACTTCCGACG TTTCTGAGAA
AAATGCTGG AAGCTGACCA CGAACGAGCA CGTACGACCG ACTTCCGACG TTTCTGAGAA
GCTGGGTCTC AGCGCTGGACT CGGGCTGTAA TGTATAGGATC C

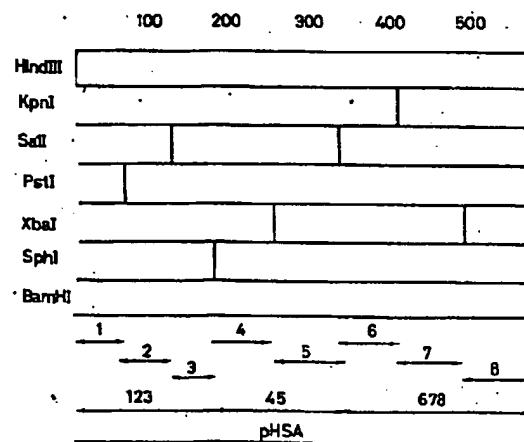
```

【図2】

ヒト血清アルブミンのN末端

Asp Ala His Lys Ser Glu Val Ala His Arg Phe Lys Asp Leu Glu Glu  
 AAAGCTTGGGATGGACGGCTCACAAATCCGAAGTTGGCACCCTTTAAAGACCTGGGTGAG  
 TTCTGAACCC~~T~~A~~C~~TGC~~G~~AGTGT~~T~~TA~~G~~GCTTCACCCG~~T~~GGCAA~~A~~TTCTGGACCCACTC  
 Fok I 選択部位 切断部位

【図3】



【図11】

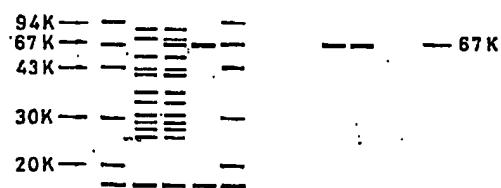
Not I Sst I Sac I Sma I Eco R I  
 5' CGGC~~GG~~CCGGGGAGCTCCC~~GG~~GAATTC  
 CCCCCGCGCTCGAGGGCCCTTAA~~GAGCT~~  
 Hpa II cohesive Sall cohesive

【図5】

SD Met Asp Ala His  
 5' CGATTAGTAAGGAGGTTAAAATGGACGCTCAC  
 TAATCATTCCCTCAAATTTACCTGGAGTGT~~TTA~~  
 Cla I cohesive Fok I cohesive

【図7】

(A) M 1 2 3 M (B) M 1 2 3 M



〔图4〕

## ・ ブロック 1

Hind II  
 ACCTGGCATGCCACCTCAAAATCCGAACTTCCGCAACCTTTAACGCTCGTGGAGAA  
 ACCTCTCGGAGCTGTTAACGCTTCAACGGCTGGCAAAATTCTGGACCCACTCTTTGAGCTT  
 AACCTTCAACGCTCTGTTCTGATCCCTTCCCTCACTTCACTTCAAGCTGCGCTTGGAGGA  
 TCGCAGCAAACTAGCGAAAGGGAGCTATCGGAAGCTCTACCCGAAAGCTCTGGCAAT  
 CCACCTTAACTGCTAAACGCAACTAAACGGAATCTGCTAAACCTGGCTAGCTGACCAATCTGCA  
 TTGACCATTTGCTTCACTGGCTTAAACGCAATTGGACCCATCTGACTCTGCTTGAAG  
 PsII

ズローラ

3941 CCTGCTGCCGAACTTCGACGAACTTCGGTACGGAAAGCTAAGGCGCTTCTCCAAA  
 3942 GTAGGGCAGGCCGGTTCGACCTGCTTGGCCACTGCTTCGAGAAGCTTGTGCGAG  
 3943 CAGGGCTCTTCAATGCCCTTCTTCAGAAATTCTCCTGACCTTCATTCAACCE  
 3944 ACTTTACCGGAGAGCTTCTTAAACGGCTTCTTCAGCTGAACTTGTCCACCCCTC  
 3945 CTGGGCAGCTGCCGCTTGTCCGAGCGCTTCCGAAACCGAGCTTCTTCAGAAGT  
 3946 AACCCCGGAAACCGGCTTCCGAAAGCGCTTCTTCAGCTTCTTCAGCTTCTC  
 3947 CTCTAAACTGCTTACTGACCTTACCCAAAGTTCACACCGAACTGCTTCAACGGGACCTT 16a1  
 3948 ACCGAACTGACTGAGCTTCTTCAGCTTGTGCTTACCGGGCTGCCCTGAGAGATC

ズロコク2

Pali I  
 - GAAACCTCCGACAAATCCCTGCACACCCGCTTCTCGTGACAAACTCTGCTGCTGCTGCGACCTCGGC  
 ACCTCTTTCGACCTTTTACGGACCTGCTGGCAACGCCACTTGCTGACACCTGACACCGT  
  
 GAAACCTACCGTGAAATGCCCTGACTGCTGCCCTAAACAGCAACCGGAACCGAACCGAATGCTTCT  
 CCCACCCGCTTTCGACCTTTACCGACTGCGAACCGCTTGTGCTTGGCTTGGCTTGTCTT  
  
 TCAAGCAAAAGCGACAAACCGCAACCTCGGCCCTGCTCTGGCTTGGCAAG  
 ACCAAGCGACCTGCTTCTGCTTCTGGCTTGGACGCCGCAACGAGCGCTTCACT  
 Pali II

プロダクト

1b41  
 CTAGAGTCCCGACGACCGCTCGCGACCTCCGAAATACATCTCCGAAACCCAGGACTCCAT  
 TCACGCGCTCTCTCGCGACCCCTGGACCCCTTATGAGACCTTTGGCTCTGAGAGAGAT  
  
 CCTCTCTAAACTGAAAGAATGCTCGGAAAAACCGCTGCTGGAAAATTCCTACTGCATCGAGA  
 TTGACTCTCTTACGACCCCTTTGGCGACGACCTTTTACGACTGCTTACGCTCTTCATCTTT  
  
 CTAGAAACCGAACAAATGCCCGCCGATCTCCCTCTCTDGGCGTCACTTCTGATCAAAAGAE  
 GCTCTTACGGCGECCTAGAGCGAGAGACCGCCGACTGAAAGCAACTTCTTCTCAGACCTT  
  
 GTCGCAAAACCGAACGAAACCGACTTCTGCTGCTGACCGACCTTCTGAGACCGACCTT  
 TTGATGCTCTCTGCTTCTGCAATGAGACCTGATCAACGAGCACTTCTGACCGACCTT

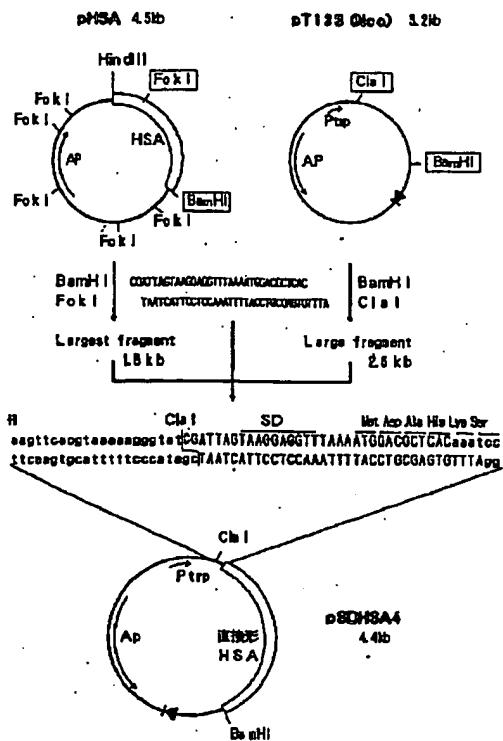
プロトコル

5' AAT  
 TCCACGCTAACTGTCACGCCATTCACGGAAACGGAAAGAAACCTTCCTGAAAAAATAC  
 GCTTACACCTCGCTTAAGCTCTGCTCTTTCGAAAGACTTTTATGGACATGCT  
  
 CTGCTACCAAACTGGCAACGCCCTGACCCCTATTCTGACGCCGGAACTGCTGTTCTGC  
 TTACGCTGGCGAGCTGGCCATGAAATGCTTCGCTCCCTGACCAAGAGACGGCTTCTGC  
  
 CTAAAGCTTACAAAGCCACCTTCACTGAACTGCTGCCAGGCCCTGCTACAAAGGCCATC  
 ATGCTTTCTGCAAGTCGACTTACGACGCTTCTGCCCTGACCAAGAGACGGCTTCTGC

•F 4 A

48

[図6]



(图8)

Observed : Met-Asp-Ala-His-Lys-Ser-Glu-Val-  
Predicted : Met-Asp-Ala-His-Lys-Ser-Glu-Val-

Ala-His-Arg-Phe-Lys-Asp-Leu-Gly  
Ala-His-Arg-Phe-Lys-Asp-Leu-Gly

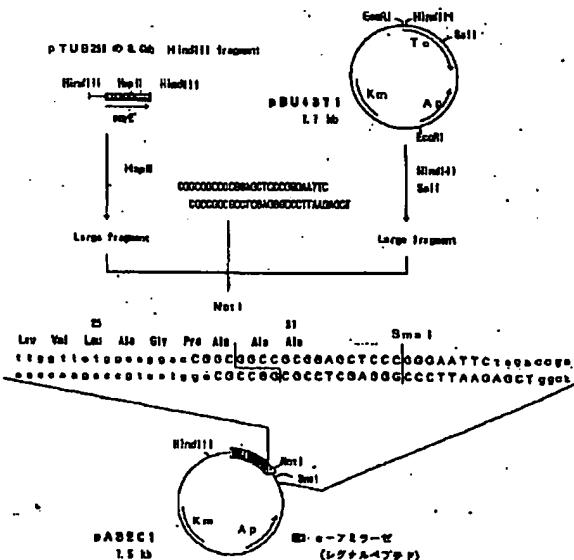
[図10]

### シグナルペプチド切断点

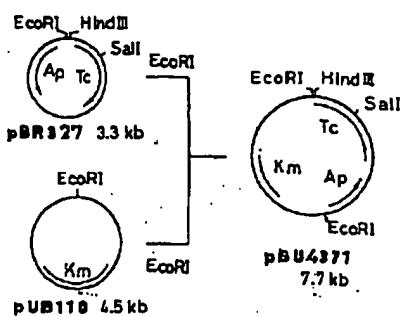
2 2 2 2 2 2  
 LeuValLeuAlaGlyProAlaAlaAlaSerAlaGluThrAlaAsnLysSerAsn  
 TTGGTCTGGCACGCCGGGGCTGGCAGTGCTGAAACGGCGAACAAATCGAT  
 ↓  
 Nt 0  
 ↓  
 C  
 ↓  
 Nt 1

・数字は日本生まれからのアミノ酸数

[图 12]



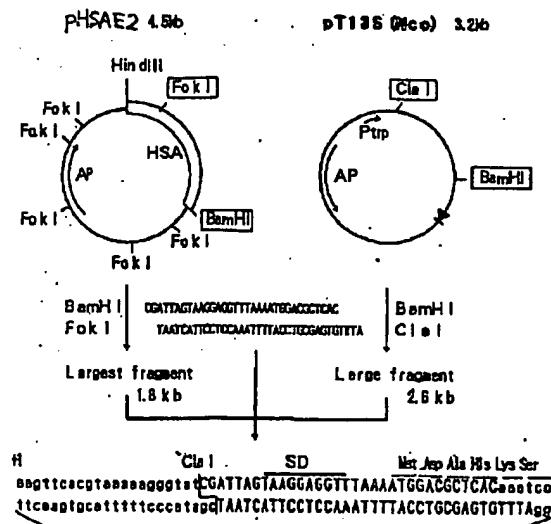
[图9]



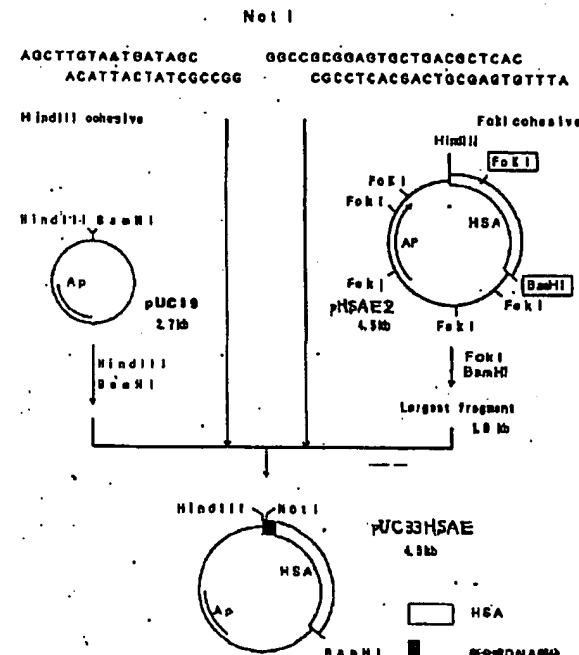
[図16]

5' AACCTTGGGA TGGACGGTCA CAAATCGGAA GTTGGGCACG GTTTTAAAGA CCTGGGTGAG  
 GAAACTTCA AACCCCTGCT TCTGATCGCT TTCCCTCACT ACCTTCAGCA GTGCCCCGTTG  
 GAGGACCAAG TTAAACTGCT AACCGAAGTAA ACCGAATTGCTTAAACCTGCTGAC  
 GAAATCTCAG AAAACTCGCA CAAATCCCTG CACACCCGTG TCGGTGACAA ACTGTGCACT  
 GTTGGCAGCC AACCGGAAAC CTACGGTGA ATCCCTCACT CCTGGCCCTAA ACAGGAAACG  
 CAACGCAACG AATGCTTCTG TCAAGCACAA GACGACAAAC CGAACCTGGCC CGGCGCTGTT  
 CGTCCCGAAC TGAGCTGAAAT GTGCAACCGA TTCCACCGA ACAGAAGAAAC CGTCCCTGAA  
 AAATACTGCT AACGAATCGC ACCGACTTGCAC CGGTACTTCTG ACAGCAGGGA ACTGCTGTT  
 TTGCTAAACG TTGCAAAAGC ACCTTTCACT GAAATGCTCC AGGCGCGCTGA CAAAGGGGCA  
 TGCCCTGCTGC CGAAACTGCGA CGAAACTGCGT GACCAAGGTA AGGGCTCTT TGCAAAACAG  
 CGCTCTAAATG GCGCTTCTG CTGAGAAATTC CGTCAACCTG CATTCAAAAGC GTGGGCAAPTT  
 CGGCGCTGT CGGACCGTCT CGGAAAGGA GAATTCGAG AAGTGTCTAA ACTGGTTACT  
 GACCTGAAACG AACGTTACAC CGAATGCTGC CACGGCGACG TTCTAGAGTG CGGAGACGAC  
 CGTCCCGAAC TGGCGAAATAA CTCCTGGAA AACCGAGGACT CCTATCTTCTG TAAACTGAAA  
 GAGTGTGCG AAAAGGGCT GCTGGAAAAA TCTCACTGCA TCCGAGAGT AGAAAACGAC  
 GAAATCTGCTGC CGGATCTGC CGTCTCTGCG GCTGACTCTG TTGAAATCAAAG AGACGTGTC  
 AAAACTACG CAGAACGAAAC AGACGATATTC CTGAGTATG TCGTGTACGA ATACGCTGCT  
 CGACACCGG ACTACTCTG GTTGTCTG CTGCGCCCTG CAAAGACCTA CGAACACTACC  
 CTGGAAAGAT CGTGGGAGC CGCTGACCA CGGAATGCTG AGGCAAAGT GTTGGACGAA  
 TTCAAAACCGC TGGTGGAAAGA CGGGCACACG CTGATCAAC AGAACCTGGCA ACTGTTGAA  
 CACGTGGTG AATACAAATT CGAACGCGT CTGCTGGTTG CTGACACCAA AAACGCTACCG  
 CACGTGTCTA CTECCGAGCTG CGTGGAGGTA TCCCGTAAACG TGCGTAAAGT TGGCTCTAA  
 TCGTGCIAAAC CGCCGGAAACG CAAACGATG CGCTCGGGCG—AGACGATACCT GTCCGTTGCG  
 CTGAAACCGC TGTCGCTTCT CGACOAAAAG ACCCGGGTTT CTGACCGTGT AACAAATG  
 TOACCGAAT CTCTGGTTAA CGGGGTGCG TGCTCTCCG CTGAGAGGT TGACOAAAACC  
 TACGTACGGA AGAAATTCAA CGCGAAAAGC TTCACTTTCC ACCGGGACAT CTGCAACCTG  
 TCCGAAAAGC AACGGCCAGT CAAAGAACAG ACCGGCTTGTG TGGAACCTGGT AAAACACAAA  
 CGGAAACCAA CGAAAGAACA ATCGAACCGG CTGATGGACG ACTTCGGACG TTTCGTTAGAA  
 AAATGCTGCA AGCTGACCA CAAAGAACCG TGCTTCGCTG AAAAGGTTAA AAAACTGCGA  
 GTTGGCTGTC AGGCTGCACT CGGCGCTATAA TGATAGGATC C'

[図19]



[図20]



[図18]

プロダクト

Blad 2  
 AGCTTGGCGATCCGACCGTCACAAATTCGGAGTTGGCGACCGCTTTAAAGCTTGGCTGAGGA  
 ACCCTACCTGGCACTTTTGGCTTCACCGCTGGCAAAATTTCGGACCCATCTCTTTGAGTT  
 AACCTCAAAAGCGCTGGTTCTGACGGCTTCTGCACTCTGAGCTGGCCCTTGAGGA  
 TCCCGCACAGAGTACGGAAAGGGAGATGTGGAAATGCTGGACCGAACTCTGGCTGAAAT  
 CCACGTTAAACTGCTAAACCAAGTAACCGGAAATTCCGTAACCTGGCTGAGCTGGCAAT  
 TGGACCATTTGGCTTATGCTGTTAAGGGATTTGGACGGATCTGAGTCTGCTTAC

## ブロッケ

3942  
 CCTCTGGCCGAACTGGACCACTCGCTGACCAAGTAAACCGCTTCTGC  
 GACGACGACGCGCTTCACTCTGCTTACGCCACTGCTTCATTC  
 CACGCTTCTGCGAC  
 CACGGTCTGAACTGGCTTETCTCAGAAATTCTGGCTAACGGTCATTC  
 AGTCTTACCCAAAGAGCTTAAACCCACTTCGCTCTAATTTCTCCACCGCTC  
 GTGGCCGACTTCGCGCTGCTCCAGCGCTTCGCGAAGCTTCCGAGAAGT  
 AACGGCTGAAAGCTGGCTTACGGCTTACGGCTTACGGCTTACGGCTTACGATTTG  
 GCTAAAGCTGGTACTGACTCCACCAAGTCAACCCGATCTGGCCACCGCACTT  
 ACCAAGTGGTACTGTTCTGAGTGTGCTTACGGCTGCGGCTGGAGATC

プロローグ

581E  
 - GAAAACCTGGACAAATGCCCTGGCAACCCCTTGGTGACAACACTGGCACTGTTGGCCACCTGGCC  
 ACCGTTTTCAGCTGGTGTAGGAGCTGGCAAGCCACTGTTGACAAGCTGACAAACGCT  
  
 581E  
 GAAACCTAGCGGAAATGCCCTGACTGGTGCGCTAAACAGGAACCCGAAACGGAAACGGAAATGCCCTGGCT  
 GGGACCCGCTTGGCAGCTTACCCAGTACCAACCCGAAATGCCCTGGCTTGGCCCTGGCTTGGCT  
  
 581E  
 TCAACCAAAACGACCAACCCGAAACTGGCGGGCTTGGTGCTCCGGAAAC  
 ACCGAGGAAGCTGTTCTGCTGGCTTGGACCCGGGGCAAGCTGGCTTGGCT

プロローグ

5' TCAAGTCGGACAGACGACCTCTGGGACCTGGGAAATACTCTGGAAACCCAGGACTCAT  
 TCAAGTCGGCTGGGACCCCTGACGGCTTTATCTAGACGGTTTGTCTGAGCTGAGAACAT  
  
 CCTCTCTAACTGAAAGATCTCCGAAAAAACCGCTCTGGAAATACTCTGGCTGAGAAAGA  
 TTGACCTTCTTACGAGCTTTTGGGAGGACTTTTACGACTGACCTGAGCTTCTTCATCTT  
  
 CTGAGAAACGACCAAACTCCGGACGGATCTCCCTCTCTGGGCTCTGACTCTGGAAATCAAAACAC  
 CCTGGCTTACGGCCCGCTAGACGGGAAAGACGGCCGACTCTGAAGCAACTTATGTTCTCAGAC  
  
 GTGTCGAAACAGCTACGAGAAACAAAGACCTGATGTCCTGAGGAAAGCTGG  
 TTTCGAGCTCTGGCTTCTGGCTGATAGACGTCATGAGCTGAGCTGG  
 3

ブロッタ

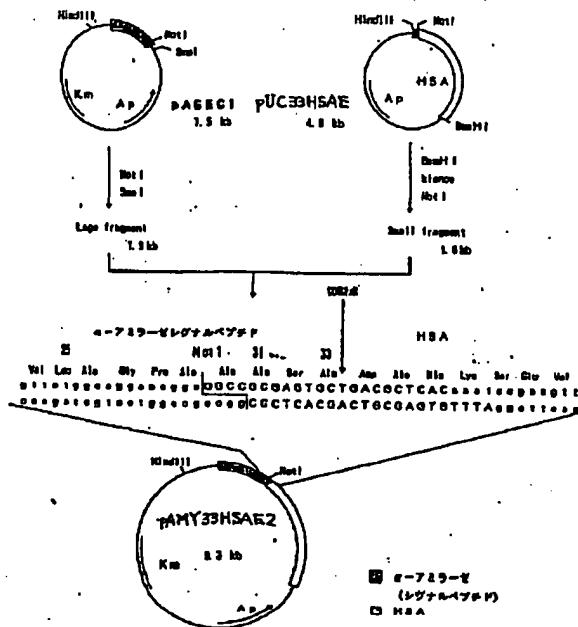
5' TCCACCTAACTCTGCCACCCATTCCACGCCACGCCAGAGAACCTCTGAAAAATACT  
 GCTTACACCTCGCCGCTAGCTGTTCTCTTCTTGGACGACTTTTATGCACTGCT  
 CTGACCCATGCCACCCGCTAACCCGATTTACCCACGCCAGCTGTTCTTCTTCTG -  
 TTACGCTGCGGACTGCGGATCTAGCTGCTGGCTTACACAGANGCTGATTGCA  
 CTAAACGTTACACCAACTTTCTGAACTGCTGCCGGCGGCTGACAAGGCGCATC  
 ATGCTTCTTCTGAAAGCTTACGACCTCTCCGGCTTCTTCTTCTGCTTCTGCT

• 188

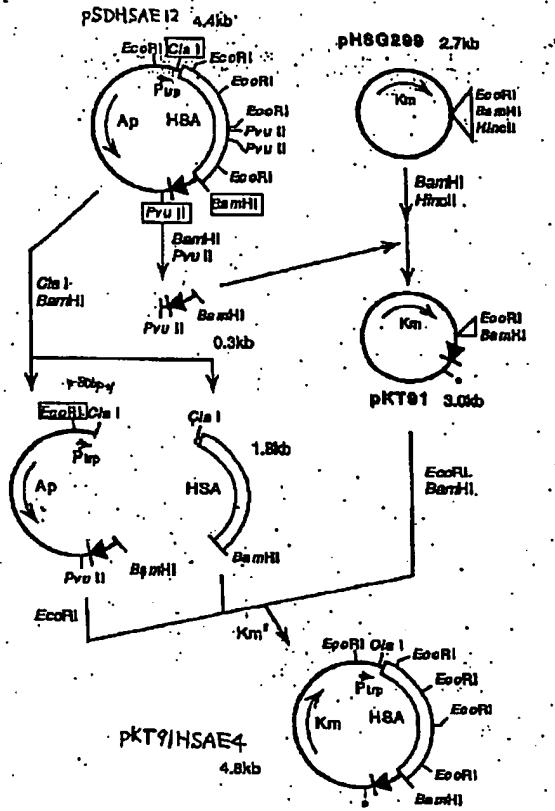
ZIRA

图 187

【図21】



【図22】



## 【手続補正書】

【提出日】平成3年8月22日

## 【手続補正1】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】図面の簡単な説明

【補正方法】変更

## 【補正内容】

【図面の簡単な説明】

【図1】本発明者らが設計し、実際に全合成して構築した、ヒト血清アルブミンをコードするDNA配列を示す図である。

【図2】ヒト血清アルブミンのN末端付近に单一の制限酵素切断部位を導入するために配置したFok I認識部位と切断部位を示す図である。

【図3】遺伝子中の制限酵素部位の配置を示す図である。なお、矢印はブロック1からブロック8各々の領域と、3つの中間的ブロックの領域、及びpHSAが保持する領域を示す。

【図4 A】図4 Aはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック

ク1を示す図である。

【図4 B】図4 Bはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック2を示す図である。

【図4 C】図4 Cはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック3を示す図である。

【図4 D】図4 Dはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック4を示す図である。

【図4 E】図4 Eはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック5を示す図である。

【図4 F】図4 Fはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック6を示す図である。

【図4 G】図4 Gはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック7を示す図である。

【図4H】図4Hはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック8を示す図である。

【図5】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌の発現ベクターに接続するために作製した合成DNAを示す図である。なお、SDは、リボソーム結合部位を表す。

【図6】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌で発現するプラスミドpSDHSA4の構築手順を示す図である。なお、プラスミドpT13S(Nco)は、大腸菌trpプロモーターを含む公知のプラスミドである。

【図7】ポリアクリルアミド電気泳動図及びウェスタンプロッティング図である。詳細に述べると(A)はSDSポリアクリルアミド電気泳動後、クーマシーブルーでタンパク質を染色した図である。また(B)は(A)の1/30量の蛋白を用いて同様の電気泳動後、ゲル内の蛋白をナイロンメンブランにエレクトロトランスファーし、抗ヒト血清アルブミン抗体を用いてウェスタンプロッティングした図である。図中の1, 2, 3, Mの略号は以下の通りである。1. HB101全菌体蛋白 2. HB101/pSDHSAE12全菌体蛋白 3. HB101/pSDHSAE12顆粒画分M. 分子量マーカー

【図8】精製顆粒蛋白のアミノ酸配列を示す図である。Observedは実際に観察された配列、Predictedは予定した配列を示す。

【図9】シャトルベクターpBU4371の構築を示す図である。

【図10】 $\alpha$ -アミラーゼの分泌に必須であり分泌時には切り離される、amyEのシグナルペプチドの切断点(A1a33)付近のアミノ酸配列及びDNA配列を示す図である。なお、矢印は、A1a33をコードする配列をGCTからGCCに置換することによってNotI部位が生ずること、及びシグナルペプチド切断点を表わす。

【図11】分泌ベクター構築のために作製した合成DNAを示す図である。

【図12】分泌ベクターPASEC1の構築図である。

【図13】PASEC1に接続するためのヒト血清アルブミン遺伝子の構築図である。

【図14】ヒト血清アルブミンを枯草菌で分泌するためのプラスミドpAMY33HSA4の構築図である。

【図15】1A510/pAMY33HSA4または1A510/pAMY33HSAE2及び1A510/pBU4371の培養14, 16, 18時間目の培養上清1 $\mu$ lを1回及び5回ナイロンメンブランにスポットし抗ヒト血清アルブミン抗体でプロッティングした図である。Standardsは、SIGMAのEssential globulin free HUMAN Albuminを用いた。Brothの位置には、培地をスポットした。図中の1, 2, 4, 5の位置には1A510/pAMY33HSA4または1A510/pAMY3

3HSAE2を、3, 6の位置には1A510/pBU4371をそれぞれスポットした。

【図16】本発明者らが設計し、実際に全合成して構築した、ヒト血清アルブミンをコードするDNA配列を示す図である。

【図17】遺伝子中の制限酵素部位の配置を示す図である。なお、矢印はブロック1からブロック8各々の領域と、3つの中間的ブロックの領域、及びpHSAE2が保持する領域を示す。

【図18A】図18Aはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック1を示す図である。

【図18B】図18Bはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック2を示す図である。

【図18C】図18Cはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック3を示す図である。

【図18D】図18Dはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック4を示す図である。

【図18E】図18Eはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック5を示す図である。

【図18F】図18Fはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック6を示す図である。

【図18G】図18Gはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック7を示す図である。

【図18H】図18Hはヒト血清アルブミン遺伝子構築のため、DNA合成機で合成したDNAオリゴマーのブロック8を示す図である。

【図19】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌で発現するプラスミドpSDHSAE12の構築手順を示す図である。なお、プラスミドpT13S(Nco)は、大腸菌trpプロモーターを含む公知のプラスミドである。

【図20】PASEC1に接続するためのヒト血清アルブミン遺伝子の構築図である。

【図21】ヒト血清アルブミンを枯草菌で分泌するためのプラスミドpAMY33HSAE2の構築図である。

【図22】構築したヒト血清アルブミンを大腸菌で発現するプラスミドpKT91HSAE4の構築手順を示す図である。

【手続補正2】

【補正対象書類名】図面

【補正対象項目名】全図

【補正方法】変更

【補正内容】

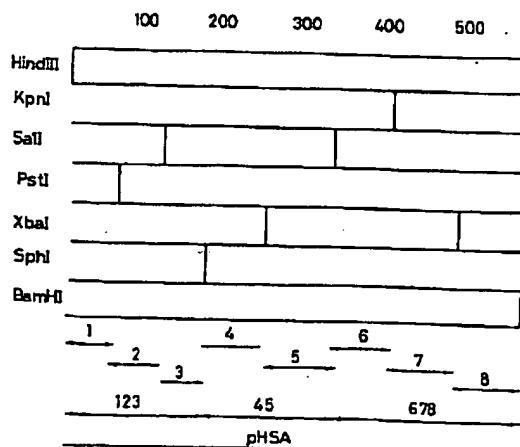
【図1】

5' AAGCTTGGGA TGGACGCTCA CAAATGGAA GTTGGGACCC GTTTTAAAGA CCTGGGTGAG  
 GAAAACCTCA AAGGGCTGGT TCTGATCGGT TTCCCTCACT ACCTTCAGCA GTCCCCCTTC  
 CAGGACCCAGG TTAAACTGGT AAACGAAGTA ACCGAATTGG CTAAAAACCTG CGTAGCTGAC  
 GAAATCTGAGA AAAAACTGGGA CAAATCCCTG CACACCCCTG TCCGTGACAA ACTGTGCACT  
 CTTGGCAGCC TGGCGAAAC CTACGGTGA ATCCGGTCACT CTGCCCCCTAA ACAQDAAACCG  
 GAAACCCAAACG AATGCTTCTG TGAGGACAAA GACGACAAACG CAAACCTGGG CGGCCCCCTG  
 CCTCCCCGAAAC TGGACGTTAAT TGCCACGGCA TTCCACGGACA AGGAAGAAC CTTCCCTGAAA  
 AAATACCTGT ACGAAATGGC ACGGGCTCA CGGTACTCTG ACGGCAACGGG ACTGCTGTT  
 TTCCGTAAACG TTGACAAAGC AGCTTTCAGT GAATGCTGCC AGGCACGGTGA CAAAGCGGCA  
 TGGCTGCTGC CGAACATGGA CGAACATGGT GACGAAGCTA AGGGCTCTTC TGCAAAACAG  
 GGTCTGAAAT CGGCTTCTCT CGAUAAGATG CGTGAAEGTG CATTCAAGC GTGGGAGAT  
 CGGGCAACGGT CGGACGGCTT CGGACAAAGC GAATTCGGAC AACTGCTAA ACTGCTTACT  
 GACCTGAGCA AACTTCACAC CGAATGCTGC CACGGGACCC TTCTAGAGTG CGGAGACAC  
 CGTGGGGACCC TGGGAAATA GATCTGGAA AACCAAGGACT CCATGCTCTG TAAACTGAAA  
 GAAATGGTGGG AAAAACGGCT GCTGGAAAAAA TCTCACTGCA TCGGAGAAAGT AGAAAACGAC  
 GAAATGCGGG CGGATCTGGC GTCTCTGGG GCTGACTCTG TTGAATCAAAG AGACGTGTC  
 AAAAATCAACG CAAAGGAAAG AGACGTAATG CTAGGTATGT TCCGTGACGA ATACGGCTCT  
 CGACACCCGG ACTACTTGT GTGTTCTGCTG CTGGGCTTGC CAAACAACTCA CGAACATAC  
 CTGAAAAAT CGTGGCCAGE CGCTGACCCA CAGGAATCTG ACGGAAAGT GTTGGACCAA  
 TTGAAACCCG TGTTGAAAGA ACGGAGAAC CTGATGAAAC AGAACTGCA ACTGTTCAA  
 CAGCTGGGTG AATACAAATT CGAGAACGCT CTGCTGGTTG CTGACACCAA AAAGGTAGGG  
 CAGGTGTCTA CTGGACCCCT GTGGAAGTA TCCCGTAAACG TGCTAAAGT TGCTCTAAA  
 TGCTGAAACG ACCCGOAGC GAAACGTTG CGCTGGGG—AGAGTACCT GTGGGTGG  
 CTGAAACGGC TGCTGGTCT CGACGAAAAA ACGGGCTTGT CTGACGGTGT AACTAAATCC  
 TGGCAGGAAAT CTGTTGTTAA CGGGCTTGC TGCTCTGGG CTCTAGAAGT TGAGGAAACC  
 TACCTACCGA AACAATTCAA CGGAGAACCT TTCACTTTCG AGGGGGACAT CTGACCCCTG  
 TCCGAAAAGG AAGGGAGAT CAAAAACACG AGGGCTTGTG TGCAACTGTT AAAACACAAA  
 CGGAAAGCAA CAAAGAAACA ACTGAAAGCG GTGATGGAGC ACTTCCGAGC TTTCCTAGAA  
 AAATGCTGGA AGGCTGAGCA CAAAGAAACG TGCTGGCTG AAGAAGGAGA AAAACCTGCTA  
 OCTGCTTCTC AGGCTGCACT CGGCTCTGAA TGATGGATC C 3'

【図2】

ヒト血清アルブミンのDN末端  
 1  
 Asp-Ala-His-Lys-Ser-Glu-VaiAla-His-Arg-Phe-Lys-Asp-Leu-Gly-Glu  
 AAACCTTGGGATGGACGCTCA CAAATCCGAAAGTTCGGCACCGTTAAAGACCTGGTGGAG  
 TTCCGAAACCTTACCTGGGACTGTGTTAGGCTCAACGGCTGGCAAAATTCTGGACCCACTGGTGGAG  
 FokI 切断部位 切断部位

【図3】



【図4 A】

ブロック1  
 HindIII  
 ACCTGGGATGGACCTCAAAATCCGAAAGTTCGGCACCGTTAAAGACCTGGTGGAG  
 ACCTCACTGGGAGCTTGTAGGCTTCACGGCTGGCAAAATTCTGGACCCACTCTTTGAGTT  
 AACCTCAACCCCTGTTCTGATGGCTTGGCTGACTACCTTGAGGAGCTGGCCCTTGGAGGA  
 TCCGGGACCAAGACTACGGGAAAGGGAGTCATGGAACTGGTCACGGCAAGCTCTGGCAAT  
 CCACCTTAAACTGCTAAACGAGTAACGGGATTCGCTAAACCTGGCTGAGCTGACCAATCTGCA  
 TTGACATTTGCTTCTTGTGGCTTAAAGGATTTTGAGGGCATGGGACTCTGCTTAC PstI

【図4 B】

ブロック2  
 PstI  
 GAAACCTGGGACAAATCCGACACCCCTGGTGGTACAAACACTGTCACCTGGGACCCCTGGG  
 ACCTCTTGTGAGCTTGTGGCTTGGGACTCTGGGACAAAGGAGCTGGGCTTGGGCTTGGCTT  
 GAAACCTACGGTAAATGGCTGACTCTGGGCTTAAACGGGAAACGGGAAACGGAAACCTGGCTT  
 CGGACGGCTTGGGATGGCACTTACGGACTGGGGGATTTGCTTGGGCTTGGCTTGGCTT  
 TCAACGAGGACAACCGAACCTGGGCTTGGTTCGGTGGAG SallI  
 ACCAGGGAAAGCTGTTCTGCTGTTGGCTTGGGCTTGGGCTTGGCTTGGCTTGGCTT

[图4C]

プロック 3

S<sub>1</sub>II

TCGACCTAAATGTCACCGGATTTCGACGACAACGGAGAAACCTTCCTGAAAAATAAC  
GCTTACGACCTGGCTAAAGGCTGTTGCTTCTTCTGAAAGGACTTTTTATGACATGCT

CTGCTACGAAATCCGACCCGGCTACCGGTACTCTTACGACCCAACTGCTGTTCTCTG  
TTAGCTGGGGCTAGTCGGGATGAGTCGTTGCTTCTGACGACAAGAAGCCATTTCAC

CTAAACGTTACAAAGGACCTTCTGAGTCGGGAGGCGGACGAAAGGGCATG  
ATCTTCTGCTGAAAGTGGACTTAAAGACGTCGGGACATCTTCTCTG S<sub>1</sub>II

#### 【図4D】

プロック4  
**SphI** CTCGTGCCGAACTGGACCAACTCCGTGACGGAGCTAAGCGCTTCTGCAAAA  
 GTACCGGGAGCCCTTTCGACCTGCTTGCACCACTGCTTCATTCGGAGAAGACGTTTGTCCCAAG  
 CACCGCTCTGAAATGCGCTCTTCGAAGAAATTCTGGTCAACCTGCTTCAAAAGC  
 ACTTTACCGGAAGAGCTTCTTAAAGCCACTTCGACCTAAGCTTCCACCCGTC  
 GTGGCCGACTTGGGCGCTTCTCCACGGCTTCCCGAAAGCAGATTCCGAGAACT  
 AACGGGGGAGACGGTCCGGCTTCAAGCGCTTCTTAAAGCTTCTTCACACATTG  
 GCTAACTGGTAACTGATCTGACAAAGCTTCAACCGAAATGCTGCAAGCAGCTT XbaI  
 ACCAAATGACTGGAGCTTCTGAGCTTGGCTTACGAGCTTGGCCGCTGGAGATC

【图4E】

**IbaI**  
**CTAGACTGCCAGACGCCGCTGCCGACTGCCAAATACTCTGCCAAACCCAGGACTCC**  
**TCACCGCTCTGCTGGCACCCCTGACCCCTTATCTAGACCCCTTTGGCTCTGAGGTAGAGAT**  
  
**CTCTCTAAACTGAAAGAATGCTCCAAAACCGCTGCTGCCAAATACTCTACTGCCAGAA**  
**TTGACTCTTCTAACCGCTTCTTGGCAGACCTTTTCTAGACTGAGCTGAGCTGAGCCCTTCTCTT**  
  
**CTAGAAAACCGGAAATCCGGCGGATCTGGCGCTCTGCGGCTGACTCTGGTGAATCAAAAGAC**  
**GCTGCTTCTGGCGGCTCTAGAGCGAGACCCCTGACTCTGACCAACTTACTTCTTCCACCTT**  
  
**GTGTGCAAAACTACCGAGAAGCCTAAAGCTATTCTCTGGTATGTCCTGCTACCAATACGGCTG**  
**TTTGATGCTCTCTGCTCTGCTCTAGATCTCATACGACCATCTGCTCTGGACGAGCT** S-1

[图4F]

4 G

[図4H]

〔圖5〕

【 7】

(A) (B)

[图 8]

Observed : Met-Asp-Ala-His-Lys-Ser-Glu-Val-  
Predicted : Met-Asp-Ala-His-Lys-Ser-Glu-Val-

Ala-His-Arg-Phe-Lys-Asp-Leu-Gly  
Ala-His-Arg-Phe-Lys-Asp-Leu-Gly

〔图6〕

BamHI | GCTTACTTAAAGCTTAAACGCGCTAC | BamHI  
 FokI | TAATCATCTTCCGATTTACCTCGTTGA | Cial

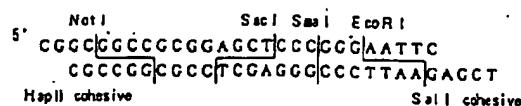
Largest fragment 1.8 kb | Large fragment 2.6 kb

Diagram of the pSDHSA4 vector. The vector is a circular plasmid with a linear DNA insert. The insert contains a Cla I site, an S0 site, and a Not I site. It also contains a polyA signal (AATAAA), a polyA tail (A), and a polyA signal (AATAAA). The vector includes a P<sub>trp</sub> promoter, an Ap gene, and a HSA gene. The HSA gene is in a reading frame (框) and is 4.4kb long.

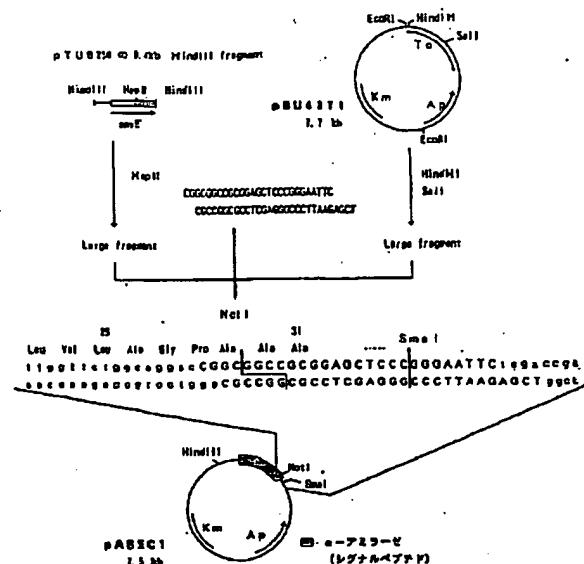
[FIG. 9]

(图10)

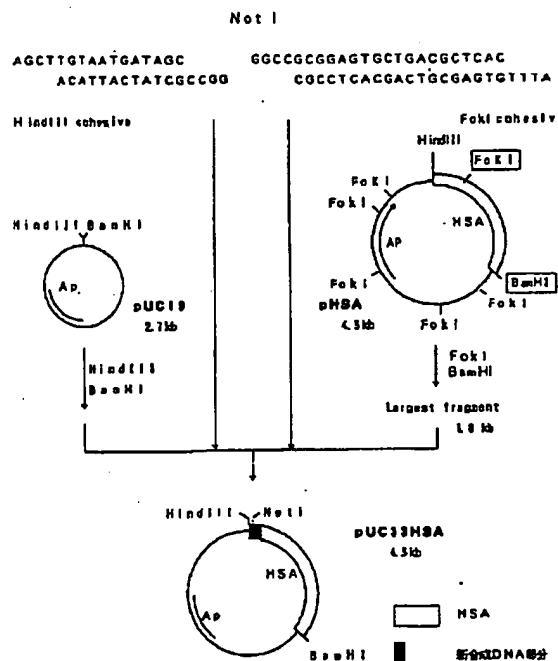
〔図11〕



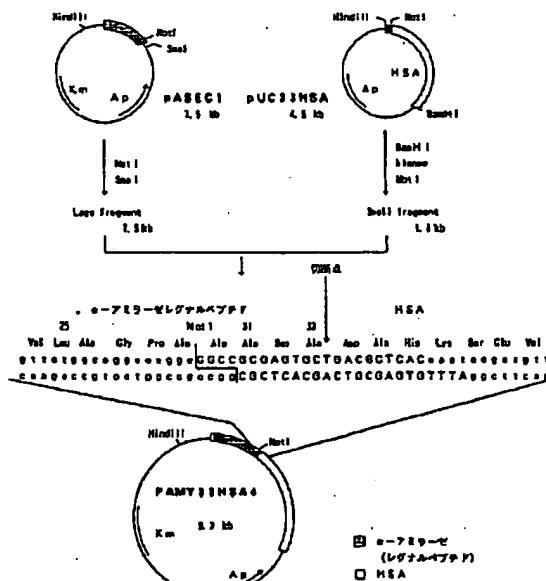
【図12】



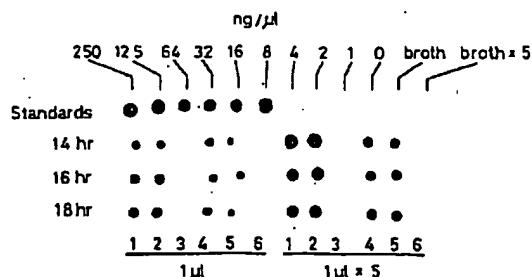
[図13]



[図14]



[図15]



(图18A)

プロダクツ

```

Hind III
AGCTTGGGATGGCGCTCACAACTCGGAACTTGCGGACCGTTTAAAGACCTGGCTGGAA
ACCTCTGGGAGCTGTTGGCTTACCGCTGGAAAAATTCTGGACCCACTCTTGGAACTT

AACTCTAAAGCGCTGGTTCTGATCGCTTTCGCTCAACTCTTCAAGCTGGCCCTTGGAGA
TGGCGCAAGACATAGCCAAAGCGAGTGATCGAGCTTCTACGGCCAACTCTGGCTCCAA

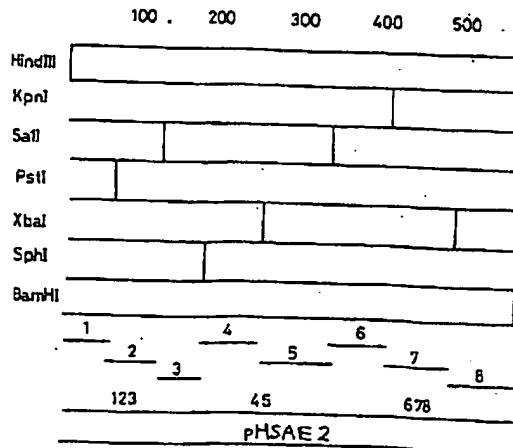
CCACCTTAAACTCTAAACCAAGTAACCCGATTCGCTTAAACCTGGCTAGCTGGAAATCTGG
TTGACCATTTCTCTTCTGGCTTAAACCGATTTGACCCATGCGACTCTTCTTGAAGT Pst I

```

〔図16〕

5' AAAGCTTGGGA TGGACCTCTA CAAATCCGA GTTGGCCACC GTTTAAAGA CCTCCGGTAC  
 GAAAACTCTA AAGCCCTGCT TTAGCTGCTT TCCCTCTACT ACCTCTAGCA GTTGGCGTTC  
 GAGGACCACT TAAACTCTG AAACGAGTA ACCGATATTG CTAAACCTA CCTAACGCTA  
 GAAATGCGAC AAAACTCGGA CAAATCCTC CACACCTGCT TCGGTGAAAG ACTTGTGCACT  
 GTTGGGACCC TGGCGAACAC TTAGCTGAA ATGGCTGACT GTTGGCTTAA ACAGGAAACCC  
 GAAACCAAGA AATGCTTCTC TCGACAAAAA GAGGACAAAC CGAACCTGCG CCGCTGGG  
 CCTCTGGGAG TCGACGCTAA GTGCGACCGA TCCACGAGA ACCGAAACAA CCTTCTGGAA  
 AAATACCTCT ACGGAAATCC AGGCGCTACG CCTGACTTCTT ACGGACGGGA ACTCTGTTG  
 TTGCGTAAAC GTTACGAAAGC AGCTTTCATC GAAATGCTGCG AGCGGGCTGGA AAAGCGGGCA  
 TGGCTCTGAA CCAAACTTGA CGAACCTGCT GAGCGAGGTG AGGGCTTCTG TGGAAACACAG  
 CGTCTGAAT CCTGGCTTCTC CCAAAATTCG GTGCAAGCTG CATTCAAAGG TGGGCGAGT  
 GGGGGCTCTG CGGACGCTT CGGAAAGCA GAAATTCGCA AACTGCTTAA ACTCTGTTACT  
 GACCTGACCA AACTTCACAC CGAATGCTG CACGGCGAAC TCTTACGTC CCTGGACGAC  
 CCTGGCGACG CCTGGAAATA CATCTGGAA AACCAGACT CCTACTTCTT AAATCTGAAA  
 GAAATGCTGCG AAAAACGGCT CCTGGAAAAAA TCTCTACGCA TCGGAGAGTC AGAACACGAC  
 GAAATGCGCG CGCATCTGCT GCTCTCTGGG GCTDCTAATCG TCTGATCAAA AGACGCTGTC  
 AAAAACCTACG CAGACGAAAG AGACGTTATTC CTAGCTATGT TCTGTGACCA ATACGCTGCT  
 CGCACCCCGG ACTACTCTGT GCTTCTCTG CTGGCGCTGG CAAAAACCTT CGAACACTAAC  
 CTGGAAAATG GCTTGGCGACG CCTGTGACCA CGAACATGT ACCGAAACAG CCTTGCACCA  
 TTCAAAACCGT TGTTGAAAGA ACCCCCACAC CTGATCAAAC AGAACCTGCG ACTCTGCTGAA  
 CAGCTGGTGT AATACAAATT CGAGAGCT CTGGTGTCTG CTGACACAAAG AAAGCTGACCG  
 CAGGTGCTCA CTCCGACCCCT CTGGAAACTA TCCCTGAAACG TGGGAAAGT TGCGCTCTAA  
 TGCTGCAAAAC ACCGGGAAAGC GAAACGATG EGCGTODGCGCG-AACGACTCTT GCTCGTGTG  
 CTGAAACGAG CTTGGCTCTG CGACGAAAAA ACCGGCTTCTT CTGACGGCTGTG ACTAAATGC  
 TGCACCCGGT CTTGGTTAA CGGGCTGCG TGCTTCTCCG CTCTAGAGGT TGCGAAACCC  
 TACGCTACGA AACGATCTAA CGGCGAACAC TTCACTTCTG AGGGCGACCT CTGCACCCCTG  
 TCGAAAGAAAG AAGCCCGATG CAAAAAGACG ACCGCTTCTG TGGAACACTGT AAACACACAA  
 CGCAAGACAA CCAAAAGACG ACTGAAGCG EGCGTODGCGCG ACTTGTGCAACG TTCTGATGAA  
 AAATGCTGCA AAGCTGACGA CAAAGAACG TGCTTCTCCG TGAGGATGAA AAAACTCTGTA  
 CCTGGCTCTC AEGCTGCACT CGGGCTGTAA TGATAGGATC C '

### 【図17】



【图18B】

【图 18C】

### プロック3

```

818
TCGACGCTTAATGTCGACCGCAATTCCACGGACAGGAAGAACCTTCCTGAAAATAAC
GCAATTACAGCTGGCGTAAGCTCTTGTGCTTCTTGGAGGACTTTTATGCCACATGCT

CTGATCCAGGAATTCGCAACGGCGCTACCCCTACTCTACGGACCGGAAGTCGCTGTTCTCG
TTAGCGTGGCGCACTGGCGATGAGATGCTGGCGCTTCGACCAAGACAGACGCGGATTGGCA

CTAAACGTTACAGACGGCTTTCAGCTCAATGCTGGCAGGGCCCTGACAAAGGGCCATG
ATGTTTCGCTCAAGTGTGACTTACGGACGCTGCCCCACTCTTGGCG

```

【図18D】

プロダク

```

SphI
  CCTGCTGCCGAAACTGGCGAACTGGCTGCGACGGTAGGGCTCTCTGCAAAG
  GTACCTGCGACGGCTTGGCTCTGGCTGACGCCATCTCCGAGAGCTTCTGCCAC

  CAGCCCTCTGAAATGGGGCTTCTCTCCTGAAATTCGGTGTGAGCTGATCTAAAGC
  ACTTTACCCGAGAGCTTCTTAACTCCACTTGCAGCTAACTTCTGGCACCCGTC

  CTGGCCGAGTGGCCGCCCTGTGCCACGGCTTCCGAAAGCGAGATTCGGAGAACCT
  AACGGCGGGAGAAGGGCTTGGGAAAGGCTTCTGGTATTCAGCTCTTCAGACATTG

  GTCTAAAGTTGTTACTGACTGCCAAAGATTCGACCGAATGTCGCCAGGGACCTT
  ACCATTCGTCGACTCTTCTTAACTGCTGGCTTACGGCTGAGCTGGCCCTGGAGATC

```

[図18E]

プロ 225

**Ib<sub>2</sub>I**  
CTAGCTGCCAGACGACCTGGGACTTGGCAATTACATCTGGAAACCCAGGACTCCAT  
TCACGGCTCTCTGCCACGCTTGACCCCTTATCTAGACGCTTTGGCTGAGCTAGAGAT  
  
CTCTTCTAAACTGAAAGAAATCTCTCCAAAACCGCTGCTGGAAAATCTCACTGAGAAA  
TTGACTCTTCATGCGACGCTTTGGCGACGCTTTAGACTGACGTAGCTTCATCTT  
  
CTGAAAGAACGAAATGCGCCGGATCTCCGCTCTCGGGCTGACTCTGTGATCAAAAGAC  
GCTCTCTTACGGCCGCTAGACGGCAGAGCCGGCCACTGAGCACTTACTTGTGACAC  
  
CTGTCGAAAGAACGAAAGAACAAAGCTGATGTCGTTACCAAAATGGCTCG  
TTTATGCTCTTCTTCTTCTGATCAAGATCTCATACAAAGCATCTTGTGACACCT

[图18F]

70, 71

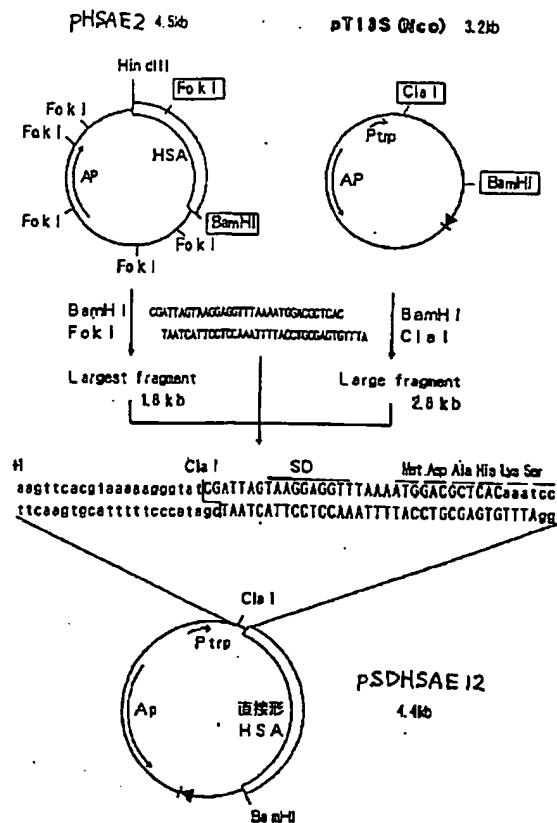
[☒ 1 8 G]

プロナウ

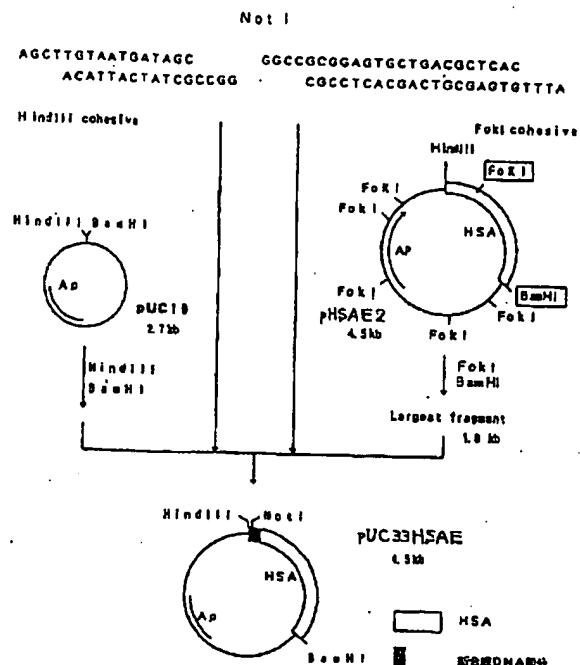
[☒ 1 8 H]

30, 11

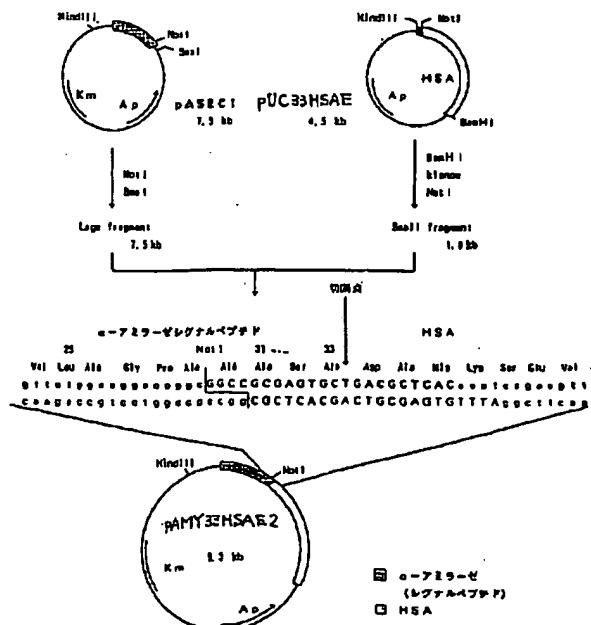
[図19]



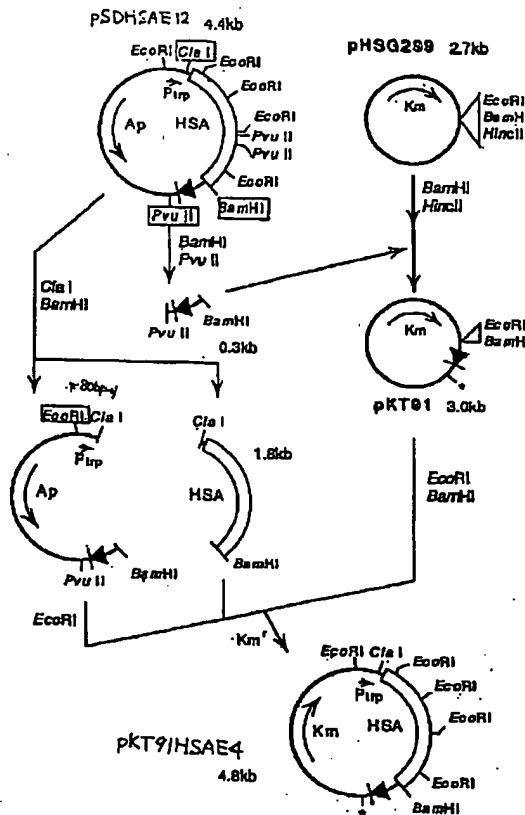
【図20】



[図21]



【図22】



フロントページの続き

(51) Int.Cl.<sup>5</sup>  
 C 12 R 1:19)  
 (C 12 N 1/21  
 C 12 R 1:125)  
 (C 12 P 21/02  
 C 12 R 1:19)  
 (C 12 P 21/02  
 C 12 R 1:125)  
 (C 12 P 21/02  
 C 12 R 1:08)

識別記号 庁内整理番号 F I

技術表示箇所